

SYLABUS PRZEDMIOTU NA STUDIACH WYŻSZYCH

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim: Ewolucja molekularna i filogenetyka
2.	Język wykładowy: język polski
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
4.	Kod przedmiotu/modułu: 29-BT-S2-E2-EMiF 29-BT-S2-E2-EMiFc
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu: obowiązkowy
6.	Kierunek studiów (specjalność): Biotechnologia (Bioinformatyka)
7.	Poziom studiów: II stopień
8.	Rok studiów: I rok
9.	Semestr: letni
10.	Forma zajęć i liczba godzin: wykład, 15 godz. ćwiczenia komputerowe, 45 godz.
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia: Prof. dr hab. Paweł Mackiewicz
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu: • wiedza i umiejętności z zakresu matematyki, statystyki i informatyki
13.	Cele przedmiotu Głównym celem zajęć jest poznanie i zrozumienie: <ul style="list-style-type: none"> • molekularnych podstaw ewolucji; • algorytmów i metod: przyrównania (dopasowania) par sekwencji (macierz punktów, programowanie dynamiczne) i wielu sekwencji oraz poprawiania i edycji przyrównań; • metod poszukiwania: sekwencji podobnych w bazach danych (algorytmy FASTA i

	<p>BLAST), motywów i wzorów w sekwencjach;</p> <ul style="list-style-type: none"> • metod filogenetyki molekularnej: zebranie sekwencji homologicznych, przyrównanie sekwencji, określenie modelu substytucji, skonstruowanie drzewa filogenetycznego, analiza i ocena drzewa filogenetycznego, testowanie hipotez filogenetycznych. Poznanie na przykładach ewolucji genów, białek i genomów oraz odtwarzania filogenezy grup organizmów; • idei datowania molekularnego. 		
14.	<p>Treści programowe (wykład i ćwiczenia):</p> <ul style="list-style-type: none"> • molekularne podstawy ewolucji; • przyrównanie (dopasowanie) par sekwencji (macierz punktów, programowanie dynamiczne – przyrównanie lokalne i globalne), systemy punktacji (macierze aminokwasowe PAM i BLOSUM, kary dla przerw), ocena istotności przyrównania; • przyrównanie wielu sekwencji (progresywne przyrównanie globalne, przyrównanie sekwencji zawierających powtórzenia i rearanżacje); • poprawianie i edycja przyrównań; • poszukiwanie sekwencji podobnych w bazach danych (algorytmy FASTA i BLAST), kryteria i istotność podobieństwa sekwencji; • motywy i wzory w sekwencjach: sposoby ich wyrażania (konsensus, wyrażenia regularne, bloki, profile, logo); • filogenetyka molekularna: etapy analiz filogenetycznych, rodzaje sekwencji homologicznych (ortologi, paralogi, ksenologi), rodzaje modeli substytucji, zmienność tempa podstawień w obrębie sekwencji i między różnymi sekwencjami, zegar molekularny, rodzaje drzew, metody tworzenia drzew filogenetycznych (UPGMA, NJ, ME, LS/FM, MP, ML, bayesowskie), metoda bootstrap; • ewolucja genów, białek i genomów; • datowanie molekularne. 		
15.	<table border="0"> <tr> <td data-bbox="209 1346 970 2049"> <p>Zakładane efekty kształcenia:</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> • zna podstawy zjawiska ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym; • rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych związanych z ewolucją: poszukiwanie sekwencji homologicznych, przyrównywanie sekwencji i ich edycja, analizy filogenetyczne, ocena istotności drzewa, testowanie hipotez filogenetycznych; • wie, na czym polegają analizy genomowe i filogenetyczne oraz datowanie molekularne; • potrafi obsługiwać podstawowe programy i narzędzia bioinformatyczne poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji i </td> <td data-bbox="970 1346 1418 2049"> <p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów kształcenia:</p> <p>K_W01, K_W04</p> <p>K_W02</p> <p>K_W04, K_W06</p> <p>K_U01, K_U05</p> </td> </tr> </table>	<p>Zakładane efekty kształcenia:</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> • zna podstawy zjawiska ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym; • rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych związanych z ewolucją: poszukiwanie sekwencji homologicznych, przyrównywanie sekwencji i ich edycja, analizy filogenetyczne, ocena istotności drzewa, testowanie hipotez filogenetycznych; • wie, na czym polegają analizy genomowe i filogenetyczne oraz datowanie molekularne; • potrafi obsługiwać podstawowe programy i narzędzia bioinformatyczne poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji i 	<p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów kształcenia:</p> <p>K_W01, K_W04</p> <p>K_W02</p> <p>K_W04, K_W06</p> <p>K_U01, K_U05</p>
<p>Zakładane efekty kształcenia:</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> • zna podstawy zjawiska ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym; • rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych związanych z ewolucją: poszukiwanie sekwencji homologicznych, przyrównywanie sekwencji i ich edycja, analizy filogenetyczne, ocena istotności drzewa, testowanie hipotez filogenetycznych; • wie, na czym polegają analizy genomowe i filogenetyczne oraz datowanie molekularne; • potrafi obsługiwać podstawowe programy i narzędzia bioinformatyczne poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji i 	<p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów kształcenia:</p> <p>K_W01, K_W04</p> <p>K_W02</p> <p>K_W04, K_W06</p> <p>K_U01, K_U05</p>		

	<p>wykonujące analizy filogenetyczne;</p> <ul style="list-style-type: none"> właściwie interpretuje uzyskane wyniki analiz bioinformatycznych; potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne i dobrać dane z baz danych oraz odpowiednie programy do postawionego problemu; jest chętny do poszerzania swojej wiedzy przez poszukiwanie dodatkowych narzędzi bioinformatycznych w internecie oraz jest świadomy potrzeby ciągłego aktualizowania wiedzy w szybko rozwijającej się dziedzinie bioinformatyki. 	<p>K_U06, K_U03</p> <p>K_U03, K_U11</p> <p>K_K01, K_K05, K_K07</p>
16.	<p>Literatura obowiązkowa:</p> <ul style="list-style-type: none"> materiały udostępnione przez prowadzącego <p>Literatura zalecana:</p> <ul style="list-style-type: none"> Higgs PG., Attwood TK., Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN; Graur D., Li W-H., Fundamentals of Molecular Evolution, Sinauer Associates; Page RDM., Holmes EC., Molecular Evolution. A Phylogenetic Approach. Wiley-Blackwell; Hall B., Łatwe drzewa filogenetyczne, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego; informacje dostępne na stronach internetowych baz danych i stronach związanych z genomiką i bioinformatyką. 	
17.	<p>Metody weryfikacji zakładanych efektów kształcenia:</p> <ul style="list-style-type: none"> wykład: egzamin pisemny (test) ćwiczenia komputerowe: zadania praktyczne do wykonania podczas zajęć, test 	
18.	<p>Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu:</p> <ul style="list-style-type: none"> pozytywna ocena z egzaminu pozytywna ocena pracy podczas zajęć oraz testu 	
19.	<p>Nakład pracy studenta:</p>	
	<p>forma działań studenta</p>	<p>liczba godzin na realizację działań</p>
	<p>Zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym:</p> <ul style="list-style-type: none"> wykład ćwiczenia komputerowe 	<p>15</p> <p>45</p>
	<p>praca własna studenta (w tym udział w pracach grupowych):</p> <ul style="list-style-type: none"> przygotowanie do zajęć zadania praktyczne przygotowanie do zaliczenia przygotowanie do egzaminu 	<p>5</p>
	<p>łącznie liczba godzin:</p>	<p>65</p>

	Liczba punktów ECTS: <ul data-bbox="215 168 598 257" style="list-style-type: none">• wykład• ćwiczenia komputerowe	1 1
--	---	----------------------