



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Analiza filogenetyczna [S2Bioinf1>AFIL]

Przedmiot

Kierunek studiów
Bioinformatyka

Rok/Semestr
2/4

Studia w zakresie (specjalność)
–

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
drugiego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład
15

Laboratorium
15

Inne (np. online)
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

2,00

Koordynatorzy

mgr Mateusz Twardawa
mateusz.twardawa@put.poznan.pl

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Od studentów oczekuje się znajomości procesów ewolucyjnych i biologii molekularnej, podstawowej znajomości algorytmiki i struktur danych, uczenia maszynowego, metod optymalizacji i statystycznej analizy danych.

Cel przedmiotu

Celem przedmiotu jest przekazanie studentom wiedzy z zakresu filogenetyki i algorytmów służących do rekonstrukcji drzew filogenetycznych. Studenci w ramach przedmiotu nabędą praktyczne umiejętności posługiwania się metodami i narzędziami pozwalającymi na budowę drzew filogenetycznych i analizę statystyczną uzyskanych wyników.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Student posiada wiedzę na temat filogenetyki i potrafi ją wykorzystywać do przeprowadzenia analizy filogenetycznej opartej o dane biologiczne.
2. Student zna i rozumie algorytmy i metody wykorzystywane w analizie filogenetycznej i posiada wiedzę z zakresu analizy statystycznej drzew filogenetycznych.

3. Student posiada wiedzę o wybranych narzędziach informatycznych i algorytmach do analizy filogenetycznej. Student rozumie techniki filogenetyczne i problemy badawcze w analizie podobieństwa sekwencji biologicznych.
4. Student zna zaawansowane pojęcia z zakresu analizy filogenetycznej i potrafi przeprowadzić analizę filogenetyczną różnych organizmów wykorzystując to tego wiedzę związaną z ewolucją molekularną genomów. Student posiada wiedzę potrzebną do filogenetycznej analizy grup organizmów.
5. Student zna bazy danych, narzędzia i współcześnie stosowane metody w analizie filogenetycznej i rozumie trendy rozwojowe w tej dziedzinie badań.

Umiejętności:

1. Student potrafi posługiwać się wybranymi narzędziami informatycznymi do analizy filogenetycznej. Student rozumie techniki filogenetyczne i potrafi je wykorzystać w analizie podobieństwa sekwencji biologicznych. Student potrafi zastosować odpowiednie narzędzia, techniki i metody filogenetyczne do rozwiązania problemów biologicznych w odniesieniu do filogenezy (w zakresie omawianym na zajęciach).
2. Student potrafi korzystać z metod i narzędzi statystycznych do analizy i oceny drzew filogenetycznych.
3. Student potrafi przeanalizować problem z zakresu filogenezy i dobrać metody do jego rozwiązania.
4. Student potrafi formułować hipotezy filogenetyczne i przeprowadzić odpowiednie analizy aby je przetestować.

Kompetencje społeczne:

1. Rozumie potrzebę systematycznego aktualizowania swojej wiedzy z zakresu biologii i informatyki oraz dostrzegania możliwości jej praktycznego zastosowania (w trakcie zajęć będą też omawiane zagadnienia związane wykorzystaniem analizy filogenetycznej do monitorowania ewolucji wirusów podczas epidemii oraz wybrane informacje z najnowszych publikacji związanych z algorytmami do analizy filogenetycznej).

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Wiedza zdobyta podczas wykładów zostanie zweryfikowana za pomocą testu.

Zaliczenie laboratorium będzie składać się z oceny pracy na zajęciach oraz z przygotowania sprawozdań (praca na zajęciach i we własnym zakresie).

Treści programowe

W ramach pierwszej części wykładów studenci zostaną wprowadzeni do analizy filogenetycznej. Podczas tej części zostaną omówione problemy i potrzeby jakie są adresowane przez analizę filogenetyczną. Zostanie też przedstawiony zarys systematyki prokariotów i eukariotów oraz rolę jaką ma systematyka, taksonomia i analiza filogenetyczna we współczesnych badaniach biologicznych i medycznych.

Druga część wykładu będzie skoncentrowana na molekularnych mechanizmach procesów ewolucyjnej oraz zmienności genomów. Zostaną przedstawione problemy z zakresu analizy filogenetycznej organizmów wynikające z błędnego wykorzystania danych biologicznych oraz trudności w rekonstrukcji filogenezy w oparciu o poprawne dane. W ramach tej części zostaną też omówione pojęcia takie jak homoplazja i homologia, a także wykorzystanie cech morfologicznych i innych do wsparcia analizy filogenetycznej. Dodatkowo zostaną też zaprezentowane metody i kryteria doboru cech i sekwencji biologicznych do analizy filogenetycznej blisko i daleko spokrewnionych taksonów (markery filogenetyczne). W drugiej części zostanie też omówione pojęcie zegara molekularnego i problemy związane z tym zagadnieniem.

Trzecia część wykładów będzie omawiać różne rodzaje drzew filogenetycznych i grafowych reprezentacji podobieństwa. Zostaną omówione metody transformacji i obróbki danych do analizy filogenetycznej, naturalne i sztuczne taksony, a także ukorzenie drzewa filogenetycznego.

Czwarta część wykładów będzie poświęcona algorytmom oraz narzędziom do rekonstrukcji drzew filogenetycznych. Studenci zostaną wprowadzeni do problemu grupowania i etykietowania danych (klasteryzacji). Po zarysowaniu ogólnych pojęć, zostaną zaprezentowane w szczególności wiodące metody analizy filogenetycznej tj. metody odległościowe, maksymalnej parsymoni, maksymalnej wiarygodności oraz metody bayesowskie. Na wykładzie zostaną też krótko scharakteryzowane narzędzia, które operują omawianymi algorytmami.

Podczas piątej części wykładów zostaną zaprezentowane metody analizy statystycznej drzew filogenetycznych i wyników analizy filogenetycznej, metody próbkowania drzew i szacowania

wewnętrzne wsparcie gałęzi. Zostaną omówione takie zagadnienia jak sygnał filogenetyczny, indeks Bremera, bootstrap, aLRT, czy prawdopodobieństwo a posteriori. Dodatkowo zostaną pokazane metody analizy czasu dywergencji i tworzenia drzew konsensowych.

Szósta część wykładów będzie skupiona na zastosowaniu heurystyk do obliczeń filogenetycznych oraz na wizualizacji i opracowywaniu wyników analizy filogenetycznej. W ramach tej części zostaną też przedstawione metody oceny i walidacji drzew filogenetycznych.

Siódma część wykładów zostanie oparta o aplikacje analizy filogenetycznej do badań biologicznych. Zostaną przedstawione metody analizy filogenetycznej białek, a także analiza i monitorowanie ewolucji wirusów podczas epidemii. Dodatkowo zostaną przedstawione współczesne trendy oraz potrzeby związane z filogenetyką.

Podczas laboratorium studenci będą rozwiązywać zadania i problemy filogenetyczne, co pozwoli na wykorzystanie w praktyce wiedzy zdobytej na zajęciach. Każde laboratorium będzie polegać na pracy z narzędziami informatycznymi i bazami danych. Na laboratorium studenci będą budować, wizualizować oraz analizować drzewa filogenetyczne za pomocą różnych metod. Jednym z tematów poruszanych na zajęciach laboratoryjnych będzie monitorowanie ewolucji wirusów, co jest praktycznym wykorzystaniem metod filogenetycznych w zapobieganiu i analizie rozwoju epidemii.

Metody dydaktyczne

Wykład - prezentacja multimedialna

Laboratorium - wykonywanie zadań na zajęciach i opracowywanie wyników w formie sprawozdania

Literatura

Podstawowa

Hall B., Łatwe drzewa filogenetyczne, WUW, Warszawa, 2008

Uzupełniająca

Felsenstein J., Inferring phylogenies, Sinauer Associates, , 2004

Warnow, T., Computational Phylogenetics: An Introduction to Designing Methods for Phylogeny Estimation. Cambridge, Cambridge University Press, 2017

Xia, X. A Mathematical Primer of Molecular Phylogenetics, Apple Academic Press Inc., 2020

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	50	2,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	1,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu)	20	1,00