



DALYKO (MODULIO) APRAŠAS

Dalyko (modulio) pavadinimas	Kodas
Filogenetika	

Dėstytojas (-ai)	Padalinys (-iai)
Koordinuojantis: Jekaterina Havelka Kitas (-i):	VU Gyvybės mokslų centras, Zoologijos katedra Saulėtekio al. 7, Vilnius

Studijų pakopa	Dalyko (modulio) lygmuo	Dalyko (modulio) tipas
Pirma	-	Pasirenkamas, Individualių studijų dalykas

Igyvendinimo forma	Vykdymo laikotarpis	Vykdymo kalba (-os)
Auditorinė	Rudens semestras	lietuvių

Reikalavimai studijuojančiajam	
Išankstiniai reikalavimai: Genetika, Molekulinė biologija	Gretutiniai reikalavimai (jei yra):

Dalyko (modulio) apimtis kreditais	Visas studento darbo krūvis	Kontaktinio darbo valandos	Savarankiško darbo valandos
5	133	48	85

Dalyko (modulio) tikslas: studijų programos ugdomos kompetencijos		
Dalyko tikslas: Ugdyti gebėjimus suprasti ir interpretuoti filogenetinių tyrimų rezultatus, taip pat savarankiškai planuoti, įgyvendinti ir pristatyti tokio pobūdžio tyrimų rezultatus. Ugdomos dalykinės kompetencijos: - Žinios ir supratimas apie pagrindinius filogenetinės analizės principus ir jų taikymą; - Gebėjimas suprasti ir interpretuoti filogenetinių tyrimų rezultatus, taip pat savarankiškai planuoti, įgyvendinti ir pristatyti tokio pobūdžio tyrimų rezultatus. - Gebėjimas analitiškai, kritiškai, sistemiškai nagrinėti, susieti, vertinti filogenetikos mokslo žinias ir faktus; - Gebėjimas perteikti filogenetikos mokslo žinias ir koncepcijas žodžiu ir raštu, dalyvauti mokslinėje diskusijoje. Ugdomos bendrosios kompetencijos: - Gebėjimas mokytis ir tobulėti savarankiškai; - Gebėjimas dalyvauti mokslinėje diskusijoje; - Gebėjimas planuoti ir organizuoti darbą ir laiką.		
Dalyko (modulio) studijų siekiniai	Studijų metodai	Vertinimo metodai
1. Gebės suprasti bendrus organizmų filogenijos principus, supras ir paaiškins įvairius filogenetinius duomenis, mokės taksonų giminingumą susieti su požymių panašumu. 2. Gebės planuoti ir atlikti praktinius tyrimus, pradedant problemos formulavimu ir baigiant rezultatų vertinimu. Mokės naudotis filogenetinei analizei skirtomis programomis. 3. Gebės pateikti samprotavimus, idėjas, hipotezes, analizės rezultatus raštu ir žodžiu. 4. Gebės surasti reikiamus informacijos šaltinius, išskirti reikiamą informaciją bei ją apdoroti. 5. Gebės žinias apie įvairius organizmus taikyti mokslo ir praktinėje veikloje.	Probleminis dėstymas paskaitose, savarankiška literatūros analizė, pratybos naudojant kompiuterines programas.	Koliokviumas (atvirojo ir uždarojo tipo klausimai), praktinių užduočių įvertinimas.

Temos	Kontaktinio darbo valandos						Savarankiškų studijų laikas ir užduotys		
	Paskaitos	Konsultacijos	Seminarai	Pratybos	Laboratoriniai darbai	Praktika	Visas kontaktinis darbas	Savarankiškas darbas	Užduotys
1. Taksonomija, sistematika ir filogenetika. Filogenetinio požiūrio į organizmus pradžia. Evoliucinė taksonomija ir fenetika. Filogenetinis medis – organizmų evoliucijos atspindys. Evoliucinė rūšies koncepcija ir filogenetinės hipotezės.	2						2	4	Savarankiška temų analizė naudojant kurso medžiagą.
2. Filogenetiniai medžiai. Monofilija, parafilija ir polifilija. Filogenijų sudarymas. Morfologinių požymių naudojimas. Kladistika ir fenetika. Homologijos ir homoplazijos. Požymių poliškumas. Baltymų ir DNR sekų naudojimas. Ortologija ir paralogija. Filogenetinė analizė ir išnykę organizmai.	2						2	4	Savarankiška temų analizė naudojant kurso medžiagą.
3. Filogenetiniai medžiai ir genų medžiai Filogenetinius medžius sudarantys elementai: šakos, mazgai, šaknis, išorinė grupė. Orientuoti ir neorientuoti medžiai. Tikrieji ir numanomi (angl. <i>inferred</i>) medžiai. Genų medžiai ir rūšių medžiai. Monofiletinės grupės ir klados.	2						2	4	Savarankiška temų analizė naudojant kurso medžiagą.
4. „Rūšies medžio – genų medžio“ problema. Molekuliniai žymenys ir jų parinkimas. Neutraliosios molekulinės evoliucijos teorija ir molekulinis laikrodis. DNR brūkšninio kodo (angl. <i>DNA barcoding</i>) metodas.	2						2	4	Savarankiška temų analizė naudojant kurso medžiagą.
5. Filogenetinės analizės metodai Sekų lyginimo algoritmai. Stebimas ir tikėtinas genetinis atstumas, daugybinės pakaitos ir pakaitų modeliai. Filogenetinės rekonstrukcijos metodai: atstumo ir požymio būsenos metodai. Juke-Cantor's, Kimura 2 parametrų, Tamura-Nei ir kiti metodai bei jų palyginimas. Didžiausios parsimonijos ir didžiausio tikėtinumo metodai. Bajeso teoremos taikymas ir posteriorinės tikimybės. Geriausio medžio paieška naudojant MCMC metodą. Filogenetinės analizės patikimumas. Imčių kartojimo metodas (angl. <i>bootstrapping</i>). Nukleotidų pasiskirstymas, sekų prisotinimas, nepilnas linijų išsiskyrimas.	4						4	8	Savarankiška temų analizė naudojant kurso medžiagą.
6. Filogenetinių tyrimų planavimas ir įgyvendinimas Sekų resursai ir filogenetinių duomenų talpyklos. Filogenetinių analizių pavyzdžiai. Filogenetinio tyrimo planavimas. Fenotipo pagrindu sudaroma filogenija: tinkamų požymių paieška, kodavimas. Molekulinė filogenija: darbo protokolų paruošimas ir tobulinimas, tyrimo medžiagos apimtys planavimas.	4						4	8	Savarankiška temų analizė naudojant kurso medžiagą.
Koliokviumas								15	Pasiruošimas koliokviumui.

7. Praktinis filogenetinių metodų taikymas: morfologiniai duomenys ir filogenetinių medžių sudarymas Pasirinktų straipsnių analizė, iš anksto paruoštos duomenų matricos aptarimas ir filogenetinio medžio sudarymas. Duomenų matricos sudarymas pagal pateiktą požymių sąrašą ir filogenetinio medžio sudarymas.				8			8	10	Savarankiška duomenų analizė, pranešimo rengimas ir pristatymas.
8. Praktinis filogenetinių metodų taikymas: molekuliniai duomenys ir filogenetinių medžių sudarymas Pasirinktų straipsnių analizė, praktiniams darbams reikalingų duomenų paieška, tvarkymas ir paruošimas analizei. Pagrindinės sekų statistikos. Genetinių atstumų įvertinimas naudojant skirtingus pakaitų modelius. Aminorūgščių ir nukleotidų sekų palyginimas. Nekoduojančių ir baltymus koduojančių sekų palyginimas. Pakaitų modelio parinkimas. Filogenetinių medžių sudarymas naudojant vieno geno fragmento sekas ir taikant skirtingus metodus: kaimynų jungimas, didžiausia parsimonija, didžiausias tikėtinumumas, Bajeso teoremos ir MCMC taikymas. Filogenetinio medžio sudarymas naudojant kelių genų fragmentų sekas.				24			24	28	Savarankiška duomenų analizė, pranešimo rengimas ir pristatymas.
Iš viso	16			32			48	85	

Vertinimo strategija	Svoris proc.	Atsiskaitymo laikas	Vertinimo kriterijai
Semestro kaupiamąjį balą sudaro koliokviumo (50 %), darbo pratybų metu (25 %), bei savarankiškos užduoties (25 %) balai.			
Darbas pratybų metu	25	Spalis - gruodis	Vertinimo kriterijai: Pratybų aktyvumo balas yra kaupiamasis. Jį lemia pratybų lankomumas ir atliktų užduočių ataskaitos pateikimas laiku. Nepateikus atliktų užduočių ataskaitų balai už užduotis neskiriami. Darbo pratybų metu bendras įvertinimas mažinamas 1 balu, jeigu ataskaitos pateikiamos pasibaigus nustatytam laikui.
Savarankiška užduotis – pasirinktame straipsnyje pateiktų duomenų paieška duomenų bazėse, pakartotinė analizė ir interpretacija. Pristatymas (10 min.) pratybų metu.	25	Gruodis	Vertinimo kriterijai: 10 balų: Straipsnyje pateikti duomenys išsamiai išanalizuoti. Daromos išvados pagrįstos. Pristatymo struktūra logiška. Pristatymas parengtas pagal moksliniam darbui keliamus reikalavimus. Stiliaus ir rašybos klaidų beveik nėra. 9 balai: Pastebėtas bent vienas iš šių trūkumų – duomenys neišsamiai išanalizuoti, išvados nepagrįstos, naudoti netinkami duomenų analizės metodai, nevykęs pristatymas (nelogiška ar nerišli kalba, studentas nesuvokia problemos ir pan.), neteisingai ar visai neatsakyta į pristatymo metu pateiktus klausimus, netinkamai išnaudotas pristatymui skirtas laikas. 8 balai: Pastebėti du iš aukščiau paminėtų trūkumų. 7 balai: Pastebėti trys iš aukščiau paminėtų trūkumų. 6 balai: Pastebėti keturi iš aukščiau paminėtų trūkumų. 5 balai: Pastebėti penki iš aukščiau paminėtų trūkumų. 4 balai: Pastebėti visi iš aukščiau paminėtų trūkumų. 3 balai: Pastebėti visi iš aukščiau paminėtų trūkumų. 2 balai: pristatymas neparuoštas 1 balas: pristatymas neparuoštas
Koliokviumas	50	Spalis	Testą sudaro iki 25 atvirojo ir uždarojo tipo klausimų (skirtingo sunkumo, nuo žinių ir supratimo iki problemų sprendimo).

			Vertinama taip: 9-10- puikios žinios ir gebėjimai. Vertinimo lygmuo. 90-100% atsakymų. 8 - geros žinios ir gebėjimai, gali būti neesminių klaidų. Sintezės lygmuo. >80% teisingų atsakymų. 7 - vidutinės žinios ir gebėjimai, yra klaidų. Analizės lygmuo. >70% teisingų atsakymų. 6 - žinios ir gebėjimai nesiekia vidutinių, yra esminių klaidų. Žinių taikymo lygmuo. >60% teisingų atsakymų. 5 - žinios ir gebėjimai tenkina minimalius reikalavimus. Daug klaidų, žinių ir supratimo lygmuo >50% teisingi atsakymai. Neišlaikyta - <50% teisingų atsakymų.
--	--	--	---

Autorius	Leidimo metai	Pavadinimas	Periodinio leidinio Nr. ar leidinio tomas	Leidimo vieta ir leidykla ar internetinė nuoroda
Privalomoji literatūra				
Ridley M.	2004	Evolution		Blackwell Publishing
Wiley E.O., Lieberman B.S.	2011	Phylogenetics. Theory and Practice of Phylogenetic Systematics		Wiley-Blackwell
Choudhuri S.	2014	Bioinformatics for beginners: Genes, Genomes, Molecular Evolution, Databases and Analytical Tools.		Elsevier
Papildoma literatūra				
Futuyma D. J., Kirkpatrick M.	2018	Evolution		Sinauer Associates, Inc.
Bergstrom C. L., Dugatkin L.A.	2012	Evolution		W.W. Norton & Company
Li W.-H.	1996	Molecular Evolution		Sunderland, MA: Sinauer