

NAZIV PREDMETA		Molekularna evolucija				
Kod	PMB706	Godina studija	2.			
Nositelj/i predmeta	dr. sc. Branka Bruvo- Mađarić, znan. sur.	Bodovna vrijednost (ECTS)	3			
Suradnici	prof. dr. sc. Đurđica Ugarković, znan. savj.; dr. sc. Martina Podnar Lešić, znan. sur.; dr. sc. Željka Pezer, znan. sur.	Način izvođenja nastave (broj sati u semestru)	P	S	V	T
			15	15	15	
Status predmeta	Izborni	Postotak primjene e- učenja				
OPIS PREDMETA						
Ciljevi predmeta	<p>Molekularna evolucija uključuje procese promjene u sastavu staničnih molekula kao što su DNA, RNA i proteini kroz generacije, što dovodi do evolucije organizama. Polje molekularne evolucije koristi principe evolucijske biologije i populacijske genetike da bi, iz evolucijske perspektive, objasnilo obrasce molekularnih promjena u genomu.</p> <p>Cilj ovog kolegija je upoznati studente s recentnim spoznajama o molekularnoj evoluciji genoma, s naglaskom na eukariotske organizme. Studenti će steći osnovna znanja o teoriji evolucije (zajedničko porijeklo, prirodna selekcija, genetički drift, modeli rasta i selekcije), o sadržaju i organizaciji eukariotskih genoma te o molekularnim mehanizmima koji dovode do evolucijskih promjena u organizmima. Predavanja će također dati uvod u teoriju i algoritme u području računalne molekularne evolucije. Praktični rad na računalu upoznat će studente s primjenom metoda molekularne filogenije i filogeografije, kao i istraživanjem i interpretacijom podataka o sekvenciranju visoke propusnosti. Kroz pripremu i prezentaciju seminara studenti stječu dodatni uvid u različite relevantne teme i tehnike u području molekularne evolucije.</p> <p>Kolegij će obuhvatiti glavne pojmove u evolucijskoj i populacijskoj genomici kako bi pružio studentima razumijevanje uzroka i načina promjene genoma tijekom vremena, te im omogućio izradu evolucijskih interpretacija i funkcionalnih predviđanja.</p>					
Uvjeti za upis predmeta i ulazne kompetencije potrebne za predmet	<p>Studenti bi trebali poznavati ključne pojmove iz evolucijske biologije i genetike. Od polaznika se očekuje da izvrše samoprocjenu svog znanja iz ovih disciplina i nadopune potencijalne nedostatke proučavanjem dostupne literature.</p>					
Očekivani ishodi učenja na razini predmeta (4-10 ishoda učenja)	<p>Po završetku kolegija student će moći:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Objasniti i komentirati osnovnu teoriju evolucije; - Opisati organizaciju eukariotskog genoma i objasniti evolucijske mehanizme koji su uključeni u evoluciju i oblikovanje eukariotskog genoma; - Pregledavati biološke baze podataka (NCBI, BOLD, EBI), preuzeti podatke iz baze i kreirati višestruka poravnanja sekvenci koristeći odgovarajući softver (Clustal W, MAFFT, MUSCLE, T-Coffee, itd.); - Razumjeti i objasniti načela glavnih filogenetskih metoda (distance matrix, parsimony, maximum likelihood, Bayesian) i odabrati odgovarajuću metodu za pojedini filogenetski / filogeografski problem; - Odabrati i primijeniti najčešće korištene softverske pakete (MEGA, PhyML, RAxML, MrBayes, BEAST, TCS, Network itd.) za konstrukciju filogenetskih stabala i mreža, procjenu vremena divergencije i testiranje filogenetskih hipoteza, 					

	<p>te protumačiti značenje i pouzdanost dobivenih rezultata;</p> <ul style="list-style-type: none"> - Definirati vrste genetičkih varijacija i provesti detekciju varijanata iz "high-throughput sequencing" podataka; - Protumačiti i analizirati strukturu populacije, kvantificirati genetsku raznolikost i identificirati diferencirane lokuse; - Pretražiti javne kataloge podataka o varijacijama i genotipovima ("1000 Genomes project", dbVAR).
<p>Sadržaj predmeta detaljno razrađen prema satnici nastave</p>	<p>Predavanja (15 sati):</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Osnovna evucijska teorija i procesi koji oblikuju eukariotski genom (neutralna evolucija, prirodna selekcija, genetički drift itd.) (1 sat); 2. Genetska raznolikost kao temeljni koncept u evucijskoj biologiji - vrste genetičkih varijacija, njihova brojnost i genomska distribucija, stopa mutacije, učinci na fenotip i genomske metode detekcije (1 sat); 3. Tipovi genomskih sekvenci i njihova organizacija u genomu eukariota (1 sat); 4. Evolucija kodirajuće DNA (regije koje kodiraju proteine i regulatorne regije) (1 sat); 5. Evolucija nekodirajuće DNA (ponavljajuće sekvence, introni, transpozoni, pseudogeni itd.) (1 sat); 6. Biološki koncept vrste; makroevolucija; mikroevolucija (1 sata); 7. Međuvrsna genomika - principi komparativne genomike i primjeri iz razvoja genoma kralježnjaka (1 sat); 8. Populacijska genomika - ciljevi i pristupi (prilagodba; specijacija; neutralni vs ne-neutralni evucijski procesi itd.) (1 sat); 9. Molekularna filogenija i filogeografija - teorija i principi (1 sata); 10. Metode analize podataka u molekularnoj filogeniji i filogeografiji (2 sat); 11. Modeli evolucije sekvenci i testiranje hipoteza (2 sata); 12. Molekularni sat i procjena vremena divergencije taksona (2 sata); <p>Vježbe (15 sati):</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Baze podataka - NCBI GenBank, EBI, BOLD - pretraživanje, preuzimanje i spremanje nukleotidnih podataka; BLAST algoritam (1 sat); 2. Formatiranje i višestruko poravnanje nukleotidnih sekvenci - primjena i usporedba različitih algoritama (Clustal W, MAFFT, MUSCLE, T-Coffee, itd.) (2 sata); 3. Evucijski modeli nukleotidne supstitucije (programi MEGA, jModeltest) (1 sat); 4. Metode računanja filogenetskih stabala - distance matrix, parsimony, likelihood, Bayesian (softverski paketi MEGA, PhyML, RAxML, MrBayes, BEAST itd.) (4 sata); 5. Metode računanja filogenetskih mreža (programi TCS, Network itd.) (2 sata); 6. Pretraživanje javnog kataloga podataka o varijacijama i genotipovima ("1000 Genomes project", dbVAR) (1 sat); 7. Korištenje multi-lokus podataka genotipova za istraživanje strukture populacije, identificiranje diferenciranih lokusa iz SNV-ova i CNV-a na temelju izračuna F_{st} i V_{st} (2 sata); 8. Otkrivanje i interpretacija varijanti iz "high-throughput sequencing" podataka (Toolkit Genome Analysis Toolkit, CNVnator) (2 sata);

	<p>Seminari (15 sati): Teme seminara će biti ponuđene studentima za pripremu prezentacije na temelju recentne znanstvene literature (prema popisu predloženih radova):</p> <ul style="list-style-type: none"> - Evolucija genoma i kromosoma; - Evolucija eukariotskih organizama (eukariogeneza); - "Junk DNA" i mobilni elementi u eukariotskom genomu: transpozoni, visoko ponavljajuća DNA, SINE, LINE, mikrosateliti, pseudogeni, NUMTs, itd .; - Horizontalni prijenos gena; - Nastanak i smrt gena ("Gene birth and death"); - Evolucija genoma tumora; - Evolucija virusnog genoma; - Filogenomika; - NGS, WGS; - "Geni siročići" ("orphan genes"); - Filostratigrafija; - Molekularni sat; - Metagenomika; - DNA barkodiranje i metabarkodiranje; - Genetička adaptacija; - Selektivni pritisak; - Adaptivna varijacija broja kopija; - Specijacija; - Ekološka divergencija. 					
Vrste izvođenja nastave:	<input checked="" type="checkbox"/> predavanja <input checked="" type="checkbox"/> seminari i radionice <input checked="" type="checkbox"/> vježbe <input type="checkbox"/> <i>on line</i> u cijelosti <input type="checkbox"/> mješovito e-učenje <input type="checkbox"/> terenska nastava		<input type="checkbox"/> samostalni zadaci <input type="checkbox"/> multimedija <input type="checkbox"/> laboratorij <input type="checkbox"/> mentorski rad <input type="checkbox"/> (ostalo upisati)			
Obveze studenata	Pohađanje nastave i vježbi; pripremljen i prezentiran seminarski rad; položen usmeni ispit.					
Praćenje rada studenata (<i>upisati udio u ECTS bodovima za svaku aktivnost tako da ukupni broj ECTS bodova odgovara bodovnoj vrijednosti predmeta</i>):	Pohađanje nastave	0,5	Istraživanje		Praktični rad	0,5
	Eksperimentalni rad		Referat		(Ostalo upisati)	
	Esej		Seminarski rad	1	(Ostalo upisati)	
	Kolokviji		Usmeni ispit	1	(Ostalo upisati)	
	Pismeni ispit		Projekt		(Ostalo upisati)	
Ocjenjivanje i vrjednovanje rada studenata tijekom nastave i na završnom ispitu	<p>Tijekom nastave evidentirati će se prisutnost studenta na predavanjima i vježbama, te bodovati aktivno sudjelovanje u nastavi i samostalno rješavanje zadataka i donošenje zaključaka.</p> <p>Ocijeniti će se priprema i prezentacija seminarskog rada na odabranu temu te diskusija na usmenom ispitu.</p>					

	Konačna ocjena za predmet srednja je vrijednost ocjene seminarskog rada i usmenog ispita (50%) te ukupnog zalaganja i aktivnog sudjelovanja u nastavi, vježbama i diskusiji tijekom cijelog kolegija (50%).		
Obvezna literatura (dostupna u knjižnici i putem ostalih medija)	Naslov	Broj primjeraka u knjižnici	Dostupnost putem ostalih medija
	M. Nei, S. Kumar (2000) Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press, USA; 1st edition		
	W-H. Li (2006) Molecular Evolution, Sinauer Associates.		
	B.G. Hall (2011) Phylogenetic trees made easy: A how-to manual. Sinauer Associates, Inc.; 4th edition		
	J.C. Avise (2000) Phylogeography: The History and Formation of Species. Harvard University Press; 1st edition		
	Alföldi J, Lindblad-Toh K. 2013. Comparative genomics as a tool to understand evolution and disease. Genome Res 23: 1063–1068. doi:10.1101/gr.157503.113		
Dopunska literatura	<ul style="list-style-type: none"> - J. Felsenstein (2003) Inferring phylogenies. Sinauer Associates; 2nd edition; - J.C. Avise (2004) Molecular markers, natural history, and evolution. Sinauer Associates; 2nd edition; - J.C. Avise (2006) Evolutionary pathways in nature: A phylogenetic approach. Cambridge University Press; 1st edition; - Z. Yang (2006) Computational Molecular Evolution. Oxford University Press; 1st edition - D.H. Huson, R. Rupp, C. Scornavacca (2010) Phylogenetic Networks. Cambridge University Press; 1st edition; - Quintana-Murci L. Understanding rare and common diseases in the context of human evolution. Genome Biol. 2016;17: 225. pmid:27821149 		
Načini praćenja kvalitete koji osiguravaju stjecanje utvrđenih ishoda učenja	Po završenom kolegiju provest će se anonimna studentska anketa čiji rezultati će se koristiti u svrhu evaluacije predmeta i nastavnika te praćenja postavljenih ishoda učenja.		
Ostalo (prema mišljenju predlagatelja)			