



**שם הקורס:** מבוא לבניית עצי תורשה (פילוגנזה) (4416)

**שם המרצה:** ד"ר שגיא שניר, [ssagi@research.haifa.ac.il](mailto:ssagi@research.haifa.ac.il)

**היקף הקורס:** 2 שש"ס

**דרישות הקורס:** הצלחה בקורסים בסיסיים במתמטיקה וסטטיסטיקה לביולוגים

**נוכחות:** 80%

**תכני הקורס:** פילוגנזה - שחזור ההיסטוריה האבולוציונית של מגוון המינים המוכרים לנו, היא אחת המשימות הבסיסיות ביותר בביולוגיה. בעקבות ההתפתחויות הדרמטיות בביולוגיה מולקולארית והגידול האקספוננציאלי ברצפים גנטיים מפוענחים, נפתחו כיוונים וסיכויים חדשים גם בתחום זה. ניתוח פילוגנטי הוא חלק בלתי נפרד כיום לא רק בתחומים כמו אבולוציה, זואולוגיה או ביולוגיה מולקולארית, אלא גם באימונולוגיה, רפואה ושאר מקצועות פרקטיים. בקורס זה נסקור את הבסיס המדעי הניצב מאחורי הגישות השונות בפילוגנזה ונלמד להשתמש בכלים קיימים. תוצגנה גם גישות שאינן מולקולאריות, לדוגמא – מורפולוגיות. כמו כן, הסטודנטים יבצעו פרויקט פילוגנטי קטן ויציגוהו בכיתה. השיטות שתוצגנה הן מולקולאריות בלבד. להלן הנושאים השונים שיוסקרו:

- מהי פילוגנזה?
- איסוף מידע פילוגנטי
- השוואת רצפים (sequence alignment)
- דמיון/מרחק רצפים
- שיטות מבוססות מרחקים (distance based methods)
- שיטות מבוססות תכונות (character based methods)
- סכנות מרבית (maximum parsimony)
- נראות מרבית (maximum likelihood)
- שיטת הסופר-עץ (supertree)
- בנייה מבוססת שלשות/רביעיות
- שיטות לא מולקולאריות

**הרכב הציון הסופי:** 50% מבחן מסכם + 50% עבודת פרויקט.

**רשימה ביבליוגרפית:**

1. Felsenstein J (2003) Inferring Phylogenies. By, Sinauer Associates; 2 edition
2. Mount DW (2004) Cold Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Spring Harbor Laboratory Press; 2 edition