

Міністерство освіти і науки України

Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна

Кафедра зоології та екології тварин

“ЗАТВЕРДЖУЮ”

Проректор з науково-педагогічної роботи

“ _____ ” _____ 2020 р.

Робоча програма навчальної дисципліни

Філогенетика: дослідження еволюційної історії

(назва навчальної дисципліни)

рівень вищої освіти _____ перший (бакалаврський) _____

галузь знань _____ 09 Біологія _____
(шифр і назва)

спеціальність _____ 091 Біологія _____
(шифр і назва)

освітня програма _____ Біологія _____
(шифр і назва)

спеціалізація _____ _____
(шифр і назва)

вид дисципліни _____ за вибором _____
обов'язкова / за вибором

факультет _____ біологічний _____

2020 / 2021 навчальний рік

Програму рекомендовано до затвердження Вченою радою факультету

“25” червня 2020 року, протокол № 7

РОЗРОБНИКИ ПРОГРАМИ: професор Утевський С. Ю., доцент Зіненко О.І.

Програму схвалено на засіданні кафедри
зоології та екології тварин біологічного факультету

Протокол від “15” червня 2020 року № 12

В.о. завідувача кафедри зоології та екології тварин

_____ (підпис)

Атемасова Т. А.
(прізвище та ініціали)

Програму погоджено науково-методичною комісією
біологічного факультету

Протокол від “25” червня 2020 року № 10

Голова науково-методичної комісії біологічного факультету

_____ (підпис)

Мартиненко В.В.
(прізвище та ініціали)

ВСТУП

Програма навчальної дисципліни “Філогенетика: дослідження еволюційної історії” складена відповідно до освітньо-професійної (освітньо-наукової) програми підготовки

рівня _____ перший (бакалаврський)

спеціальності _____ 091 Біологія _____

спеціалізації _____

1. Опис навчальної дисципліни

1.1. Мета викладання навчальної дисципліни

Метою викладання навчальної дисципліни є здобуття студентами теоретичних знань з методів філогенетичного аналізу, а також навичок практичного застосування цих знань.

1.2. Основні завдання вивчення дисципліни

Основними завданнями вивчення дисципліни є набуття таких компетенцій:

ЗК01. Здатність реалізувати свої права і обов'язки як члена суспільства, усвідомлювати цінності громадянського (вільного демократичного) суспільства та необхідність його сталого розвитку, верховенства права, прав і свобод людини і громадянина в Україні.

ЗК04. Здатність до пошуку, оброблення та аналізу інформації з різних джерел.

ЗК05. Здатність спілкуватися державною мовою як усно так і письмово.

ЗК06. Здатність спілкуватися іноземною мовою.

ЗК07. Здатність вчитися і оволодівати сучасними знаннями.

ЗК08. Здатність до абстрактного мислення, аналізу і синтезу.

СК05. Здатність до критичного осмислення новітніх розробок у галузі біології і професійній діяльності.

Також завданнями є ознайомити студентів з сутністю понять “філогенетичний аналіз”, ознайомити з різними підходами в розбудові еволюційної історії; проаналізувати філогенетичні відносини вибраних об'єктів, познайомитись з основними джерелами і типом даних, які можуть бути матеріалом для філогенетичних реконструкцій.

1.3. Кількість кредитів — 3.

1.4. Загальна кількість годин — 90.

1.5. Характеристика навчальної дисципліни	
За вибором	
Денна форма навчання	Заочна (дистанційна) форма навчання
Рік підготовки	
3-й	
Семестр	
5-й	
Лекції	
32 год.	

Практичні, семінарські заняття	
Лабораторні заняття	
Самостійна робота	
58 год.	
Індивідуальні завдання	
- год.	

1.6. Заплановані результати навчання

Згідно з вимогами освітньо-професійної (освітньо-наукової) програми студенти повинні досягти таких результатів навчання:

ПР01. Розуміти соціальні та економічні наслідки впровадження новітніх розробок у галузі біології у професійній діяльності.

ПР02. Застосовувати сучасні інформаційні технології, програмні засоби та ресурси Інтернету для інформаційного забезпечення професійної діяльності.

ПР04. Спілкуватися усно і письмово з професійних питань з використанням наукових термінів, прийнятих у фаховому середовищі, державною та іноземною мовами.

ПР07. Володіти прийомами самоосвіти і самовдосконалення. Уміти проектувати траєкторію професійного росту й особистого розвитку, застосовуючи набуті знання.

ПР 12 Знати і аналізувати принципи структурно-функціональної організації, механізмів регуляції та адаптації організмів.

ПР20. Демонструвати та використовувати інтегральні сучасні уявлення про принципи структурно-функціональної організації біологічних систем різної систематичної належності, їх філогенез та онтогенез.

ПР22. Поєднувати навички самостійної та командної роботи задля отримання результату з акцентом на добросовісність, професійну сумлінність та відповідальність за прийняття рішень.

2. Тематичний план навчальної дисципліни

Тема 1. Загальні поняття. ДНК, РНК, білки як інформаційні молекули. Властивості успадкування (недосконале копіювання), мутації як джерело нової інформації, філогенетично інформативні зміни. Еволюційні сили та зміни в частотах алелів. Молекулярна еволюція.

Тема 2. Послідовність, ген, локус, алель, SNP. Особливості різних генетичних маркерів. Морфологічні ознаки та інші види спадкових ознак. Поняття молекулярного годинника, моделі безкінечної кількості сайтів, насичення. Моделі субституцій. Критерії порівняння моделей. Програми для аналізу насичення та моделей субституцій. Приклади.

Тема 3. Гомологічні сайти, вирівнювання. Алгоритми вирівнювання. Програми. Формати вирівнювань, конвертери.

Тема 4. Реконструкція еволюційної історії. Ознаки: гомологія й аналогія, синапоморфія, аутапоморфія та плезіоморфія, гомологія і

гомоплазія. Монофілетичні, поліфілетичні та парафілетичні групи. Древа як метод відображення еволюційної історії.

Тема 5. Методи побудови дерев за допомогою відстаней між послідовностями. Поправки на моделі субституцій. Програми.

Тема 6. Парсимонія (ощадливість). Правдоподібність. Апостеріорна імовірність. Баєсові методи. Коалесцентні методи побудови дерев.

Тема 7. Датування. Побудова Хронограм.

Тема 8. Реконструкція філогеній за багатьма незв'язаними маркерами, коалесцентний аналіз. Реконструкція складних відносин за умови потоку генів.

3. Структура навчальної дисципліни

Назви розділів і тем	Кількість годин							
	Денна форма				Заочна форма			
	усь ого	у тому числі			У сь ог о	у тому числі		
		лек ц.	ла б.	с.р.		ле кц.	лаб.	с.р.
Тема 1. Загальні поняття. ДНК, РНК, білки як інформаційні молекули. Властивості успадкування (недосконале копіювання), мутації як джерело нової інформації, філогенетично інформативні зміни. Еволюційні сили та зміни в частотах алелів. Молекулярна еволюція.	5	2		6				
Тема 2. Послідовність, ген, локус, алель, SNP. Особливості різних генетичних маркерів. Морфологічні ознаки та інші види спадкових ознак. Поняття молекулярного годинника, моделі безкінечної кількості сайтів, насичення. Моделі субституцій. Критерії порівняння моделей.	6	6		8				

Програми для аналізу насичення та моделей субституцій. Приклади.							
Тема 3. Гомологічні сайти, вирівнювання. Алгоритми вирівнювання. Програми. Формати вирівнювань, конвертери.	6	4	8				
Тема 4. Реконструкція еволюційної історії. Ознаки: гомологія й аналогія, синапоморфія, аутапоморфія та плезіоморфія, гомологія та гомоплазія. Монофілетичні, поліфілетичні та парафілетичні групи. Дерева як метод відображення еволюційної історії.	6	4	4				
Тема 5. Методи побудови дерев за допомогою відстаней між послідовностями. Поправки на моделі субституцій. Програми.	7	4	8				
Тема 6. Парсимонія (ощадливість). Правдоподібність. Апостеріорна імовірність. Баєсові методи. Коалесцентні методи побудови дерев.	7	4	8				
Тема 7. Датування. Побудова Хронограм.		4	8				
Тема 8. Реконструкція філогеній за багатьма незв'язаними маркерами, коалесцентний аналіз. Реконструкція складних відносин за умови потоку генів.		4	8				
Разом	90	32	58				

4. Теми лабораторних занять

Лабораторних, практичних та семінарських занять програмою не передбачено.

5. Завдання для самостійної роботи

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
-------	------------	-----------------

		Денна форма	Заочна форма
1	Опрацювання навчального матеріалу	10	
3	Підготовка до поточного контролю	10	
4	Виконання індивідуальних завдань	20	
5	Підготовка до підсумкового контролю	18	
	Разом:	58	

6. Індивідуальні завдання

Індивідуальні завдання включають самостійне опрацювання матеріалу, ознайомлення з філогенетичними програмами, їх установку, постановку проблеми (висунення гіпотези про філогенетичні стосунки), складання і кладистичний аналіз матриці морфологічних ознак, пошук нуклеотидних послідовностей у Генетичному банку (GenBank), вирівнювання нуклеотидних послідовностей, проведення філогенетичного аналізу методами кладистики, дистантними методами, за критерієм максимальної правдоподібності та методами Баєсового аналізу, формулювання еволюційного сценарію для обраної групи таксонів. За результатами завдання студенти готують презентацію. Варіантом такого проекту може бути перевірка поглядів на класифікацію певних таксонів за допомогою різних методів філогенетичного аналізу.

7. Методи контролю

Самоконтроль.

Поточний контроль:

Опитування, що здійснюється за підсумками опрацювання матеріалу кожного розділу;

Оцінювання індивідуального завдання.

Підсумковий контроль проводиться у вигляді письмового заліку.

8. Схема нарахування балів

Поточний контроль, самостійна робота, індивідуальні завдання						Індивідуальне завдання	Разом	Залік	Сума
T1-2	T3-4	T5	T6	T7	T8				
10	10	5	5	5	5	20	60	40	100

T1, T2 ... – теми розділів.

Шкала оцінювання

Сума балів за всі види навчальної діяльності протягом семестру	За дворівневою шкалою оцінювання
50-100	зараховано

9. Рекомендована література

Основна література

1. Лукашов В. В. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ. - М.: Бином, 2009. – 256 с.
2. Павлинов И. Я. Кладистический анализ. – М.: Изд-во Моск. ун-та, 1990. – 158 с.
3. Hall B. G. Phylogenetic Trees Made Easy: A How-To Manual for Molecular Biologists. – Sunderland: Sinauer Associates, Inc., 2001. – 179 p.
4. Keith J. M. (ed.) Bioinformatics. Volume I: Data, Sequence Analysis, and Evolution. – Melbourne: Humana Press, 2017. – 491 p.
5. Kitching I. J., Humphries C. J., Williams D. M. Cladistics (Second Edition): The Theory and Practice of Parsimony Analysis. – Oxford: University Press, 2000. – 228 p.
6. Nei M., Kumar S. Molecular Evolution and Phylogenetics. – Oxford: University Press, 2000. – 333 p.
7. Page R. D. M. Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach. – Blackwell Science, 1998. – 346 p.
8. Schuh R. T. Biological Systematics: Principles and Applications. – Cornell University Press, 2000. – 234 p.

Допоміжна література

1. Поппер К. Открытое общество и его враги. – М.: Феникс, Международный фонд «Культурная инициатива», 1992. – В 2-х тт.
2. Ратнер В. А. и др. Проблемы теории молекулярной эволюции. - Новосибирск: Наука, 1985. – 263 с.
3. Хаубольд Б., Вие Т. Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход. – М. – Ижевск: НИЦ «Регуляторная и хаотическая динамика», 2011. – 456 с.
4. Bitsch C., Bitsch J. Phylogenetic relationships of basal hexapods among the mandibulate arthropods: a cladistic analysis based on comparative morphological characters // Zoologica Scripta. – 2004. – Vol. 33. – P. 511–550.
5. Jobling M. *et al.* Human evolutionary genetics. – Garland Science, 2014. – 670 p.
6. Lemey P. *et al.* (Eds). The Phylogenetic Handbook A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. – Cambridge: Cambridge University Press, 2009. – 723 p.

7. Utevsky S., Kovalchuk A., Kovalchuk N., Utevsky A., Chernyshev A. V. A new species of the genus *Johanssonia* Selensky, 1914 (Hirudinea: Piscicolidae) collected in the Kuril-Kamchatka Trench at the greatest depth ever recorded for fish leeches // Progress in Oceanography. – 2019. – Vol. 176. – 102133.

10. Посилання на інформаційні ресурси в Інтернеті, відео-лекції, інше методичне забезпечення

1. Nexus Data Editor 0.5.0:
<https://www.softpedia.com/get/Science-CAD/NEXUS-Data-Editor.shtml>
2. MAFFT ver. 7: <https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>
3. Генетичний банк: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
4. RAUP*: <http://paup.phylosolutions.com/>
5. MEGA X: <http://megasoftware.net/>
6. MrBayes: <http://mrbayes.sourceforge.net/>
7. Філогенетичні програми: <https://cme.h-its.org/exelixis/software.html>