

ХАРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ ПЕДАГОГІЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ ІМЕНІ Г.С. СКОВОРОДИ
ПРИРОДНИЧИЙ ФАКУЛЬТЕТ
КАФЕДРА БОТАНІКИ

Назва курсу	МОЛЕКУЛЯРНА ФІЛОГЕНЕТИКА ТА БІОІНФОРМАТИКА
Викладач (-і)	ЛЕОНТЬЄВ Дмитро Вікторович
Профайл викладача (-ів)	http://hnpu.edu.ua/uk/leontyev-dmytro-viktorovych
Контактний тел.	+38 (099) 644-17-81
E-mail:	alwisiamorula@gmail.com
Консультації	Очні консультації: 1 година кожен день (з 14:00)

1. Коротка анотація до курсу «Молекулярна філогенетика та біоінформатика». Предмет вивчення навчальної дисципліни «Молекулярна філогенетика та біоінформатика» – нуклеотидні та амінокислотні послідовності геному живих організмів як джерело інформації про хід еволюційних подій і родинні зв'язки між таксонами.

2. Мета та цілі курсу – Метою курсу «Молекулярна філогенетика та біоінформатика» є формування цілісного уявлення про сучасні теоретичні уявлення та методологічні підходи, які використовуються для встановлення філогенетичних стосунків між таксонами за допомогою аналізу нуклеотидних та амінокислотних послідовностей.

Основними цілями навчальної дисципліни є:

- формування у студентів розуміння біологічних і математичних причин, з яких послідовності біополімерів, що синтезуються шляхом матричного синтезу, є надійним джерелом інформації про походження і родинні зв'язки організмів;
- створення чіткої уяви про теоретичні принципи, що лежать в основі методів одержання, аналізу і порівняння нуклеотидних послідовностей;
- формування переконань про необхідність широкої популяризації знань у галузі молекулярної філогенетики як одного з фундаментальних доказів еволюції і джерела важливої біологічної інформації.

3. Формат курсу – Очний (*offline*)

4. Результати навчання –

знання: основних етапів розвитку молекулярної філогенетики та біоінформатики; сутності методів одержання нуклеотидних послідовностей, у т.ч. секвенування за Сенгером та секвенування нового покоління; алгоритмів співставлення послідовностей, визначення еволюційних дистанцій та еволюційних моделей; сутності, особливостей, переваг та недоліків основних методів філогенетичного аналізу.

уміння: здійснювати пошук нуклеотидних послідовностей у інтернет-базах даних, у т.ч. NCBI; виконувати процедуру BLAST Search для ідентифікації послідовностей; описувати основні етапи одержання нуклеотидних послідовностей; з використанням програми Chromas Lite корегувати нуклеотидні послідовності; здійснювати співставлення послідовностей ручним методом, та за допомогою алгоритмів ClustalW і MAFFT з використанням платформи BioEdit; Будувати філограми методом максимальної правдоподібності на базі MEGA6.0; Будувати філограми методом баєсівського аналізу з використанням MrBayes.

5. Обсяг курсу

Вид заняття	Загальна кількість годин
лекції	10
практичні	20
самостійна робота	60

6. Ознаки курсу:

Рік викладання	семестр	спеціальність	Курс (рік навчання)	Нормативний\ вибірковий
2016	1	014.05 – Біологія та здоров'я людини 091- Біологія	1	Нормативний

7. Пререквізити – Студент повинен прослухати курси «Основи філогенії» та «Система органічного світу». Для вивчення курсу студенти потребують базових знань з біології та основ здоров'я, достатніх для сприйняття матеріалу, розуміння джерел та механізмів функціонування організму.

8. Технічне й програмне забезпечення / обладнання – freeware-програми для аналізу молекулярно-філогенетичних даних: ChromasLite, BioEdit, MEGA, MrBayes, FigTree; програмні сервіси, доступні онлайн: MAFFT, IQTree, BLAST; загальноживані програми і операційні системи.

9. Політики курсу – Положення про академічну доброчесність ХНПУ імені Г.С. Сковороди: <http://hnpu.edu.ua/sites/default/files/files/buhgalteria/polozhennya.pdf>

Очікується, що роботи студентів будуть їх оригінальними дослідженнями чи міркуваннями. Відсутність посилань на використані джерела, фабрикування джерел, списування, втручання в роботу інших студентів становлять, але не обмежують, приклади можливої академічної недоброчесності. Виявлення ознак академічної недоброчесності в письмовій роботі студента є підставою для її незарахування викладачем, незалежно від масштабів плагіату чи обману.

Відвідання занять

Відвідання занять є важливою складовою навчання. Очікується, що всі студенти відвідають усі лекції і практичні заняття курсу. Студенти мають інформувати викладача про неможливість відвідати заняття. Допускається 1 пропуск з поважних причин, який не впливатиме на систему оцінювання. У будь-якому випадку студенти зобов'язані дотримуватися усі строків визначених для виконання усі видів письмових робіт, передбачених курсом.

Література

Уся література, яку студенти не зможуть знайти самостійно, буде надана викладачем у друкованому або електронному вигляді виключно в освітніх цілях без права її передачі третім особам. Студенти заохочуються до використання також й іншої літератури та джерел, яких немає серед рекомендованих.

10. Схема курсу

Тиждень навч. року	Тема	Форма діяльності/ формат	Матеріали	Літературні джерела Інтернет-ресурси	Завдання для самопідготовки, представлення виконаної роботи	Кількість балів	Термін виконання
Тиждень 1. 2 акад. год.	Вступ. Джерела філогенетичної інформації. Екстракція ДНК. ПЛР.	Лекція F2F	Презентація з теми заняття	Б1, Б2, Б3	Роль В Хенніга у розвитку кладистики. Вчення Хенніга про типи ознак.	Оцінювання на практичному занятті	До наступного практичного заняття.
Тиждень 1. 2 акад. год.	Методи екстракції нативної ДНК	Лабораторне заняття F2F	Реактиви, посуд, нативний рослин-	Д1	Основні операційні процедури підчас роботи зі стандар-	10	Протягом заняття

			ний матеріал		тизованими наборами для екстракції ДНК шляхом спін-фільтрації		
Тиждень 2. 2 акад. год.	Класичні методи одержання нуклеотидних послідовностей. Секвенування нового покоління.	Лекція F2F	Презентація з теми заняття	Б1, Б3	Принцип парсимонії: переваги і обмеження. Співвідношення понять «парсимонія», «правдоподібність» і «апостеріорна вірогідність» як критерії реконструкції філогенезу.	Оцінювання на практичному занятті	До наступного практичного заняття.
Тиждень 2. 2 акад. год.	Конструювання праймерів для ПІР та секвенування	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	Б1, Д5	Роль праймерів у процесі реплікації. Особливості штучних праймерів. Параметри праймерів залежно від функції.	10	Протягом заняття
Тиждень 3. 2 акад. год.	Філогенез на молекулярному рівні.	Лекція F2F	Презентація з теми заняття	Б1, Б2	Методи імобілізації ДНК. Блот-аналіз	Оцінювання на практичному занятті	До наступного практичного заняття.
Тиждень 3. 2 акад. год.	Аналіз та корегування хроматограм сиквенсу аналізу у програмі Chromas Lite. Пошук послідовностей у системі BLAST.	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	Б3, ІР1, ІР2, ІР5	Параметри якості хроматограм сиквенсування. Способи покращення якості хроматограм.	10	Протягом заняття

Тиждень 4. 2 акад. год.	Співставлення послідовностей. Генетичні дистанції та моделі молекулярної еволюції.	Лекція F2F	Презентація з теми заняття	Б1, Д5, Д2, Д4, Д5	Теоретичні принципи співставлення послідовностей.	Оцінювання на практичному занятті	До наступного практичного заняття.
Тиждень 4. 2 акад. год.	Співставлення послідовностей у програмі BioEdit та MAFFT	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	Б3, Д5, IP3	Алгоритми співставлення.	10	Протягом заняття
Тиждень 5. 2 акад. год.	Методи аналізу дискретних ознак у філогенетиці.	Лекція F2F	Презентація з теми заняття	Б1, Б3, Д5	Методи максимальної парсимонії, максимальної правдоподібності, Байеса.	Оцінювання на практичному занятті	До наступного практичного заняття.
Тиждень 5. 2 акад. год.	Визначення генетичних дистанцій та еволюційних моделей у програмі MEGA 6.0	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	IP4	Способи підбору оптимальних еволюційних моделей.	10	Протягом заняття
Тиждень 7. 4 акад. год.	Побудова філограм різними методами у програмі MEGA. Бутстреп-аналіз.	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	Б3, Д5, IP4	Методи статистичної оцінки надійності філогенетичних реконструкцій	10	Протягом заняття

Тиждень 8. 4 акад. год.	Побудова філограм методом максимальної правдоподібності за допомогою онлайн-сервісу IQTree.	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	Б1, Б3, Д5	Теоретичні засади методу максимальної правдоподібності та Байєсівського аналізу у філогенетиці.	10	Протягом заняття
Тиждень 9. 2 акад. год.	Редагування філограм за допомогою додатку FigTree	Лабораторне заняття F2F	Інсталяційні пакети, адреси веб-сервісів, файли з прикладами робочих матеріалів	ІР7	Типологія та дизайн філограм.	10	Протягом заняття

Рекомендована література

Базова

1. *Кеца О. В.* Основи біоінформатики: навч.-метод. посібник. – Чернівці : Чернівецький нац. ун-т ім. Ю. Федьковича, 2018. – 192 с.
2. *Глуценко В.И., Акулов А.Ю., Леонтьев Д.В., Утевский С.Ю.* Основы общей систематики. – Харьков: ХНУ, 2004. – 111 с.
3. *Лукашов В.В.* Молекулярная эволюция и филогенетический анализ. М.: Бинوم. Лаборатория знаний, 2009. – 256 с.

Допоміжна

1. *Антонова О.С., Корнева Н.А., Белов Ю.В., Курочкин В.Е.* Эффективные методы выделения нуклеиновых кислот для проведения анализов в молекулярной биологии // Научное приборостроение. 2010. Т.20, № 1. С. 3–9.
2. *Павлинов И.Я.* Кладистический анализ. – М.: Изд-во Моск. ун-та, 1990. – 158 с.
3. *Павлинов И.Я.* История биологической систематики: эволюция идей. – Saarbrücken: Palmarium Academic Publishing, 2013. – 476 с.
4. *Шипунов А.Б.* Основы теории систематики. – М.: Университет, 1999. – 56 с.
5. *Hall B.G.* Phylogenetic trees made easy. A how-to manual. 4th ed. – Sunderland: Sinauer Associates, 2011. – 282 p.

Інформаційні ресурси

1. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

2. <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
3. <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>
4. <http://en.bio-soft.net/tree/MEGA.html>
5. <http://technelysium.com.au/wp/chromas/>
6. <http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>
7. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>

11. Система оцінювання та вимоги

Загальна система оцінювання курсу	<i>Участь в роботі впродовж семестру/екзамен – 60/40</i>
Вимоги до письмової роботи	<i>На кожну контрольну роботу студент повинен підготувати задані теми лекції, що запропонована для читання (див. календарний план). Оцінюється якість та оригінальність наведених аргументів та самостійні приклади на задану тематику та свої висновки з кожної теми. Контрольна робота (2 за курс) може бути максимально оцінена у 10 балів. Усі повинні обов'язково підготувати всі теми, а відсутність студента з будь-яких причин необ'єктивних причин не може бути виправданям.</i>
Лабораторні заняття	<i>Активна робота на кожному лабораторному занятті, у т. ч. виконання індивідуальних завдань на комп'ютері, розв'язання розрахункових задач, відповіді на проблемні запитання, участь у дискусіях оцінюється максимально на 10 балів.</i>
Умови допуску до підсумкового контролю	<i>Всі практичні заняття повинні бути опрацьовані і студент повинен отримати за курс не менш 40 балів, тоді він допускається до здачі іспиту</i>