

МИКОЛАЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

ФАКУЛЬТЕТ ТЕХНОЛОГІЙ ВИРОБНИЦТВА І ПЕРЕРОБКИ ПРОДУКЦІЇ
ТВАРИННИЦТВА, СТАНДАРТИЗАЦІЇ ТА БІОТЕХНОЛОГІЇ
Кафедра біотехнології та біоінженерії

«ЗАТВЕРДЖУЮ»
Перший проректор
Дмитро БАБЕНКО
« 07 » 07 2024 р.
Гарант освітньої програми
Михайло ГИЛЬ
« 13 » 06 2024 р.

СИЛАБУС НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ
«МОЛЕКУЛЯРНА ФІЛОГЕНЕТИКА ТА БІОІНФОРМАТИКА»

Галузь знань 16 «Хімічна інженерія та біоінженерія»
Спеціальність 162 «Біотехнології та біоінженерія»
Освітньо-професійна програма «Біотехнології та біоінженерія»
Освітній ступінь «Магістр»
Семестр 2-й
Форма здобуття освіти денна
Викладачі Крамаренко Сергій Сергійович, д.б.н., професор, kssnail0108@gmail.com

Розглянуто на засіданні кафедри біотехнології та біоінженерії

Протокол № 12 від «17» червня 2024 р.

В.о. завідувача кафедри

 Олена КАРАТЄЄВА

Схвалено науково-методичною комісією факультету технології виробництва і переробки продукції тваринництва, стандартизації та біотехнології.

Протокол № 11 від «24» червня 2024 р.

Голова науково-методичної комісії

 Галина КАЛИНИЧЕНКО


Схвалено на засіданні вченої ради факультету технології виробництва і переробки продукції тваринництва, стандартизації та біотехнології.

Протокол № 13 від «25» червня 2024 р.

Голова вченої ради

Миколаїв
2024

1

 Михайло ГИЛЬ
МФБ (ОС 162_маг). Крамаренко С.С.

<p>1. Призначення навчальної дисципліни</p>	<p>Філогенетика, або філогенетична систематика, займається ідентифікацією і проясненням еволюційних взаємин серед різних видів життя на Землі, як сучасних, так і вимерлих. Еволюційна теорія стверджує, що схожість серед індивідуумів або видів часто вказує на загальне походження або загального предка. Тому взаємини, встановлені філогенетичною систематикою, часто описують еволюційну історію видів і, відтепер, його філогенез, історичні взаємини серед гілками організмів або їх частин, наприклад їх генів. Філогенетична таксономія, яка є відгалуженням, але не логічним продовженням, філогенетичної систематики, займається класифікацією груп організмів згідно зі ступенем їхніх еволюційних відносин.</p> <p>Біоінформатика застосовує машинні алгоритми і статистичні методи для аналізу великих наборів біологічних даних, які, як правило, складаються з великого числа нуклеотидних (ДНК і РНК) та пептидних (білки) послідовностей і даних структури білків. Головні напрямки досліджень біоінформатики включають вирівнювання послідовностей, пошук генів, збірку геномів, вирівнювання структур білків, передбачення структури білків, передбачення експресії генів та білок-білкової взаємодії та реконструювання процесу еволюції. Великим напрямком досліджень біоінформатики – отримання високоякісних послідовностей геномів з фрагментів послідовностей, отриманих за допомогою традиційних методів секвенування ДНК та конструювання сигнальних мереж за даними ДНК-мікрочипів.</p>
--	---

<p>2. Мета навчальної дисципліни</p>	<p>Мета дисципліни: ознайомлення з сучасними комп'ютерними і теоретичними методами аналізу структури генетичних макромолекул, які дозволяють вивчати основні закономірності та особливості їх функціонування та еволюції.</p> <p>Завдання дисципліни:</p> <ul style="list-style-type: none"> • визначити специфіку комп'ютерного та теоретичного аналізу структури генетичних макромолекул; • дати огляд стану сучасних методів аналізу структур, банків даних та обчислювальних ресурсів і програм структурної біології, звернувши особливу увагу на їх обмеження і особливості інтерпретації результатів; • охарактеризувати основні напрямки досліджень у галузі структурної комп'ютерної біології, а також в галузі молекулярної еволюції білків. <p>Предмет дисципліни: макромолекулярні дані, під якими мається на увазі послідовності генетичного матеріалу (ДНК) і білків, аналіз механізмів, що впливають на швидкість і відмінності еволюційних змін в ДНК і білках.</p> <p>Об'єкт дисципліни: сукупність підходів, алгоритмів та методів, що займаються ідентифікацією і проясненням еволюційних взаємин серед різних видів життя на Землі, як сучасних, так і вимерлих.</p>
---	--

<p>3. Компетентності</p>	<p>Інтегральні компетентності: Здатність розв'язувати складні задачі і проблеми біотехнологій та біоінженерії, що передбачає проведення досліджень та/або здійснення інновацій та характеризується невизначеністю умов і вимог.</p> <p>Загальні компетентності: K08. Здатність здійснювати пошук необхідної інформації в науковій і технічній літературі, базах даних та інших джерелах. K09. Здатність відбирати та аналізувати релевантні дані, у тому числі за допомогою сучасних методів аналізу даних і спеціалізованого програмного забезпечення. K11. Здатність розробляти нові біотехнологічні об'єкти і технології та підвищувати ефективність існуючих технологій на основі експериментальних та/або теоретичних досліджень та/або комп'ютерного моделювання. K14. Здатність прогнозувати напрямки розвитку сучасної біотехнології в контексті загального розвитку науки і техніки. K15. Здатність застосовувати сучасні методи системного аналізу для дослідження та створення ефективних біотехнологічних процесів.</p> <p>Програмні результати навчання: PPO5. Знати молекулярну організацію та регуляцію експресії генів, реплікації, рекомбінації та репарації, рестрикції та модифікації генетичного матеріалу у про- та еукаріотів, стратегію створення рекомбінантних ДНК для цілеспрямованого конструювання біологічних агентів.</p>
<p>4. Заплановані результати навчальної дисципліни</p>	<p>Дисципліна ґрунтується на основі фундаментальної та загально-прикладної підготовки з математики, комп'ютерної біометрії, обчислювальної техніки та програмування, генетики, розведення сільськогосподарських тварин, еволюційних основ селекції.</p> <p>При повному опануванні дисципліни здобувач вищої освіти (зво) повинен:</p>

знати:	<ul style="list-style-type: none"> • основні принципи аналізу та теоретичні основні методи, використовуваних для його реалізації; • мати уявлення про особливості комп'ютерного та теоретичного аналізу структур генетичних макромолекул; • теоретичні засади молекулярної філогенетики та філогеографії; • фактори і механізми молекулярної еволюції; • молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі; • сучасні концепції виду;
вміти:	<ul style="list-style-type: none"> • проводити аналіз структури білків, ДНК і РНК за допомогою ресурсів, доступних в Інтернет; • застосовувати головні методи філогенетики (кладистичні, дистантні та імовірнісні) молекулярних даних; застосовувати бази даних молекулярних послідовностей і сучасні комп'ютерні програми для побудови філогенетичних дерев і мереж (нетворків); • запропонувати еволюційний сценарій для групи, що досліджується, на підставі отриманого філогенетичного дерева.
5.Опис навчальної дисципліни	<p>Всього годин/кредитів за навчальним планом, з них:</p> <ul style="list-style-type: none"> - лекції <i>150 годин/ 5,0 кредити</i> - лабораторні заняття <i>16 годин/ 0,533 кредити</i> - практичні заняття <i>16 годин/ 1,533 кредити</i> - самостійна робота <i>16 годин/ 0,533 кредити</i> <i>102 годин/ 3,400 кредити</i>

Календарний план*

№ з/п	Найменування тем	Розподіл навчального часу, годин			
		ЛК	ПЗ	ЛЗ	СР
1	Молекулярні основи еволюції	2	2	2	10
2	Еволюція амінокислотних послідовностей	2	2	2	12
3	Філогенетичні дерева. Побудова філогенії. Тестування філогенії	1	1	1	9
4	Гіпотеза молекулярних годинників та лінеаризовані дерева	2	2	2	12

5	Предкові нуклеотидні та амінокислотні послідовності	1	1	1	11
6	Генетичний поліморфізм та еволюція.	2	2	2	12
7	Популяційні дерева за генетичними маркерами	1	1	1	11
8	Походження та еволюція сільськогосподарських тварин	1	1	1	9
9	Аналіз генетичних послідовностей. Анотація геномів.	2	2	2	8
10	Оцінка біологічного різноманіття. Еволюційна біологія.	2	2	2	8
Всього		16	16	16	102

*Примітка. Проведення видів занять здійснюється відповідно до графіку освітнього процесу

6. Порядок та критерії оцінювання	<p>Поточний контроль знань здійснюється шляхом усного опитування на практичних заняттях, письмового тестування, тестування за допомогою ПЕОМ, а оцінювання виконується за бальною методикою ЄКТС. Проте підсумковий контроль – шляхом проведення іспиту в письмовій формі по питаннях, що розглядаються і затверджуються на засідання кафедри. Оцінювання виконується за бальною методикою ЄКТС.</p> <p>Здобувачі вищої освіти, які набрали впродовж семестру не менше 36 (максимально – 60) балів допускаються до іспиту й набрані на іспиті бали додаються до таких семестрових.</p> <p>Зарахування пропущених занять здійснюється після їх відпрацювання з НПП за розкладом консультацій.</p>
--	--

Поточний і підсумковий контроль знань здобувачів вищої освіти (в семестр)

Форма контролю	Кількість заходів	Оцінка		Сума	
		min	max	min	max
1. Аудиторна робота в т.ч.:					
- Навчальні заняття (підготовка та виконання)	6	2	4	12	24
- Виконання індивідуальних завдань (ОР, реферат, РГР, РР та ін.)	3	3	4	9	12
- Модульний (змістово-модульний) контроль	3	3	4	9	12
- наукова робота	1	2	4	2	4
2. Самостійна робота в т.ч.:					
- опитування	1	2	4	2	4
- тестування	1	2	4	2	4
Разом за семестр:				36	60
Іспит				24	40
Разом по дисципліні:				60	100

Загальна шкала оцінювання ECTS за результатами курсу

Сума балів за всі	Оцінка ECTS	Оцінка за національною шкалою
-------------------	-------------	-------------------------------

види навчальної діяльності		для екзамену, курсової роботи (проєкту), звіту з практики. диференційованого заліку	для заліку
90 - 100	A	«5» – відмінно	зараховано
82 - 89	B	«4» – добре	
75 - 81	C	«4» – добре	
64 - 74	D	«3» – задовільно	
60 - 63	E	«3» – задовільно	
35 - 59	FX	«2» – незадовільно з можливістю повторного складання	не зараховано з можливістю повторного складання
1 - 34	F	«2» – незадовільно з обов'язковими повторним вивченням дисципліни	не зараховано з обов'язковим повторним вивченням дисципліни

7. Політика курсу

Основні принципи проведення занять:

- відкритість до нових та неординарних ідей, толерантність, доброзичлива партнерська атмосфера взаєморозуміння та творчого розвитку;
- усі завдання, передбачені програмою, мають бути виконані у встановлений термін;
- різні моделі роботи на заняттях, у тому числі робота над вирішенням завдань дає можливість здобувачам вищої освіти якнайширше розкрити свій власний потенціал, навчитись довіряти своїм партнерам, розвинути навички інтелектуальної роботи в команді;
- курс передбачає інтенсивне використання мобільних технологій навчання, що дає можливість здобувачам вищої освіти та викладачеві спілкуватись один з одним у будь-який зручний для них час, а для здобувачів вищої освіти, які відсутні на заняттях, отримати необхідну навчальну інформацію та представити виконані завдання;
- протягом усього курсу активно розвиваються автономні навички здобувачів вищої освіти, які можуть підготувати додаткову інформацію за темою, що не увійшла до переліку тем практичних занять змістових модулів та виступити з презентацією чи інформуванням додатково.

8. Інформаційні джерела

Базова література
Аналіз біометричних даних у розведенні та селекції тварин : навчальний посібник / С. С. Крамаренко, С. І. Луговий, А. В. Лихач, О. С. Крамаренко. Миколаїв : МНАУ, 2019.

211 с.

- Воронова Н. В., Горбань В. В., Сарабєв В. Л. Теорія еволюції : навчально-методичний посібник. Запоріжжя : Запорізький національний університет, 2022. 93 с.
- Горобець С. В., Горобець О. Ю., Дем'яненко І. В. Біоінформатика. Ппрактикум : навчальний посібник. Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 87 с.
- Кеца О. В. Основи біоінформатики : навчально-методичний посібник. Чернівці : Чернівецький нац. ун-т ім. Ю. Федьковича, 2018. 192 с.
- Кисляк С. В., Настенко Є. А. Основи молекулярної біології та біоінформатики : навчальний посібник Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2018. 95 с.
- Молекулярна біологія РНК та синтезу білків : Лабораторний практикум / А. І. Степаненко, О. Р. Лахнеко, Л. В. Маринченко, М. О. Банникова. Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2021. 71 с.
- Трофименко О. Л., Гиль М. І., Сметана О. Ю. Генетика популяцій : підручник. Миколаїв : Видавничий дім «Гельветика», 2018. 254 с.
- Основи біоінформатики : навчальний посібник / В. М. Попов, С. В. Лиманська, Г. Є. Черншпенко, Ю. М. Тереняк. Харків : ХНАУ, 2021. 108 с.
- Kumar, A., Choudhury, B., Dayanandan, S., & Khan, M. L. (Eds.). *Molecular genetics and genomics tools in biodiversity conservation*. Springer, 2022. 328 p.

Допоміжна література

- Методологія оцінки генотипу тварин за молекулярно-генетичними маркерами у тваринництві України : монографія / К. В. Копилов, О. М. Жукорський, К. В. Копилова та ін.; за наук. ред. акад. НААН М. В. Гладія. Київ : Аграрна наука, 2015. 208 с.
- Ней М., Кумар С. Молекулярна еволюція та філогенетика. Київ : КВІЦ, 2004. 418 с.
- Огурцов А. В. Введення в біоінформатику. Харків : НТУ «ХПІ», 2011. 208 с.
- Огурцов А. В. Методи біоінформаційного аналізу. Харків : НТУ «ХПІ», 2011. 114 с.
- Огінова І. О., Пахомов О. Є. Теорія еволюції (системний розвиток життя на Землі) : підручник. Дніпропетровськ : Вид-во Дніпропетр. ун-ту, 2011. 540 с.
- The Genetics of Horse* / Edited by A.T. Bowling & A.Ruvinsky. CABI Publishing, 2000. 527 p.
- Biology of Breeding Poultry* / Edited by Paul M. Hocking. CABI Publishing, 2009. 479 p.
- The Genetics of the Pig* / Edited by M.Rothschild & A.Ruvinsky. CABI Publishing, 2011. 520 p.
- The Genetics of Cattle* / Edited by D.Garrick & A.Ruvinsky. CABI Publishing, 2014. 634 p.
- Genetics of Reproduction in Sheep* / Edited by R.B. Land & D.W.

	<p>Robinson. Oxford : Butterworth-Heinemann Elsevier Ltd, 2013. 427 p.</p> <p>Інформаційні ресурси</p> <p>Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) - https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi</p> <p>The National Center for Biotechnology Information - https://www.ncbi.nlm.nih.gov/</p> <p>The European Nucleotide Archive (ENA) - https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home</p> <p>Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) - https://www.megasoftware.net/</p> <p>Multiple Sequence Alignment (MUSCLE) - https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/</p>
9. Інтеграція здобувачів вищої освіти з особливими освітніми потребами	<p>Передбачено використання індивідуальної форми навчання для здобувача за допомогою оболонки Moodle (https://moodle.mnau.edu.ua/)</p>
10. Доступ до матеріалів навчання	<p>Робоча програма дисципліни (https://www.mnau.edu.ua/files/faculty/tvpptsb/rp/rp_MFB_162.pdf), її силабус (https://www.mnau.edu.ua/faculty-tvpptsb/kaf-genetics/) та навчально-методичний комплекс дисципліни (https://moodle.mnau.edu.ua) з необхідним його накопиченням розташовано на офіційному сайті Миколаївського національного аграрного університету (https://www.mnau.edu.ua).</p>

Силабус навчальної дисципліни розроблено:

Професор кафедри



Сергій КРАМАРЕНКО

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
МІКОЛАЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**

**ФАКУЛЬТЕТ ТЕХНОЛОГІЙ ВИРОБНИЦТВА І ПЕРЕРОБКИ
ПРОДУКЦІЇ ТВАРИНИЦТВА, СТАНДАРТИЗАЦІЇ ТА
БІОТЕХНОЛОГІЇ**

КАФЕДРА БІОТЕХНОЛОГІЇ ТА БІОІНЖЕНЕРІЇ

«ПОГОДЖЕНО»

Декан факультету ТВППТСБ

Михайло ГИЛЬ

" 25 " 26 2024 р.

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

Перший проректор

Дмитро БАБЕНКО

" 07 " 07 2024 р.

**РОБОЧА ПРОГРАМА З НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ
«МОЛЕКУЛЯРНА ФІЛОГЕНЕТИКА ТА БІОІНФОРМАТИКА»**

освітньо-професійна програма

«Біотехнології та біоінженерія»

для здобувачів вищої освіти другого (магістерського) рівня вищої освіти

1-о року очної (денної) форми навчання

на 2024-2025 навчальний рік

Освітній ступінь – Магістр

Галузь знань – 16 «Хімічна інженерія та біоінженерія»

Спеціальність 162 «Біотехнології та біоінженерія»

Мова викладання – українська

Миколаїв
2024

Григор

Програма відповідає вимогам Освітньо-професійної програми підготовки здобувачів вищої освіти «Біотехнології та біоінженерія», затвердженою Вченою радою Миколаївського національного аграрного університету 12.03.2024 р. (протокол № 8), чинної згідно наказу по університету №33-О від 19.03.2024 р.

Розробник програми: д-р біол. наук, професор С. С. Крамаренко, Миколаївський національний аграрний університет.

Програма розглянута на засіданні кафедри біотехнології та біоінженерії МНАУ протокол № 12 від 17.06.2024 року.

В.о. завідувача кафедри
канд. с.-г. наук, доцентка



Олена КАРАТЄВА

Схвалено науково-методичною комісією факультету технології виробництва і переробки продукції тваринництва, стандартизації та біотехнології МНАУ протокол № 11 від 24.06.2024 року.

Голова науково-методичної комісії,
канд. с.-г. наук, доцентка



Галина КАЛИНИЧЕНКО

1. Анотація

Молекулярна філогенетика – галузь філогенетики, що використовує методи молекулярної біології. Для систематичної класифікації організмів, встановлюються послідовності їх еволюційні взаємини, використовуючи їх ДНК, РНК і білків. Звичайно у молекулярній філогенетиці використовуються кладистичні методи. Ці методи допомагають об'єктивно визначаючи важливість особливостей або певних генів в оцінці еволюційних гіпотез. З молекулярною філогенетикою тісно пов'язані такі галузі як біоінформатика, молекулярна генетика і молекулярна еволюція.

Annotation

Molecular phylogenetics is the branch of phylogeny that analyzes genetic, hereditary molecular differences, predominately in DNA sequences, to gain information on an organism's evolutionary relationships. From these analyses, it is possible to determine the processes by which diversity among species has been achieved. The result of a molecular phylogenetic analysis is expressed in a phylogenetic tree. Molecular phylogenetics is one aspect of molecular systematics, a broader term that also includes the use of molecular data in taxonomy and biogeography.

2. Опис навчальної дисципліни «МОЛЕКУЛЯРНА ФІЛОГЕНЕТИКА ТА БІОІНФОРМАТИКА»

Галузь знань **16 «Хімічна інженерія та біоінженерія»**

Спеціальність **162 «Біотехнології та біоінженерія»**

Освітній ступінь **Магістр**

Обов'язкова (вибіркова) компонента **Обов'язкова**

Семестр **2-й**

Кількість кредитів ECTS **5**

Кількість модулів **1**

Кількість змістовних модулів **3**

Загальна кількість годин **150**

Види навчальної діяльності та види навчальних занять, обсяг годин та кредитів:

Лекції **16**

Практичні заняття **16**

Лабораторні заняття **16**

Консультації -

Самостійна робота **102**

Форма підсумкова контрольного заходу **екзамен**

3. Мета вивчення навчальної дисципліни

Філогенетика, або філогенетична систематика, займається ідентифікацією і проясненням еволюційних взаємин серед різних видів життя на Землі, як сучасних, так і вимерлих. Еволюційна теорія стверджує, що схожість серед індивідумів або видів часто вказує на загальне походження або загального предка. Тому взаємини, встановлені філогенетичною систематикою, часто описують еволюційну історію видів і, відтепер, його філогенез, історичні взаємини серед гілками організмів або їх частин, наприклад їх генів. Філогенетична таксономія, яка є відгалуженням, але не логічним продовженням, філогенетичної систематики, займається класифікацією груп організмів згідно зі ступенем їхніх еволюційних відносин.

Біоінформатика застосовує машинні алгоритми і статистичні методи для аналізу великих наборів біологічних даних, які, як правило, складаються з великого числа нуклеотидних (ДНК і РНК) та пептидних (білки) послідовностей і даних структури білків. Головні напрямки досліджень біоінформатики включають вирівнювання послідовностей, пошук генів, збірку геномів, вирівнювання структур білків, передбачення структури білків, передбачення експресії генів та білок-білкової взаємодії та реконструювання процесу еволюції. Великим напрямком досліджень біоінформатики – отримання високоякісних послідовностей геномів з фрагментів послідовностей, отриманих за допомогою традиційних методів секвенування ДНК та конструювання сигнальних мереж за даними ДНК-мікрочипів.

Мета дисципліни: ознайомлення з сучасними комп'ютерними і теоретичними методами аналізу структури генетичних макромолекул, які дозволяють вивчати основні закономірності та особливості їх функціонування та еволюції.

Завдання дисципліни:

- визначити специфіку комп'ютерного та теоретичного аналізу структури генетичних макромолекул;
- дати огляд стану сучасних методів аналізу структур, банків даних та обчислювальних ресурсів і програм структурної біології, звернувши особливу увагу на їх обмеження і особливості інтерпретації результатів;
- охарактеризувати основні напрямки досліджень у галузі структурної комп'ютерної біології, а також в галузі молекулярної еволюції білків.

Предмет дисципліни: макромолекулярні дані, під якими мається на увазі послідовності генетичного матеріалу (ДНК) і білків, аналіз механізмів, що впливають на швидкість і відмінності еволюційних змін в ДНК і білках.

Об'єкт дисципліни: сукупність підходів, алгоритмів та методів, що займаються ідентифікацією і проясненням еволюційних взаємин серед різних видів життя на Землі, як сучасних, так і вимерлих.

Інтегральні компетентності:

Здатність розв'язувати складні задачі і проблеми біотехнологій та біоінженерії, що передбачає проведення досліджень та/або здійснення інновацій та характеризується невизначеністю умов і вимог.

Загальні компетентності:

K08. Здатність здійснювати пошук необхідної інформації в науковій і технічній літературі, базах даних та інших джерелах.

K09. Здатність відбирати та аналізувати релевантні дані, у тому числі за допомогою сучасних методів аналізу даних і спеціалізованого програмного забезпечення.

K11. Здатність розробляти нові біотехнологічні об'єкти і технології та підвищувати ефективність існуючих технологій на основі експериментальних та/або теоретичних досліджень та/або комп'ютерного моделювання.

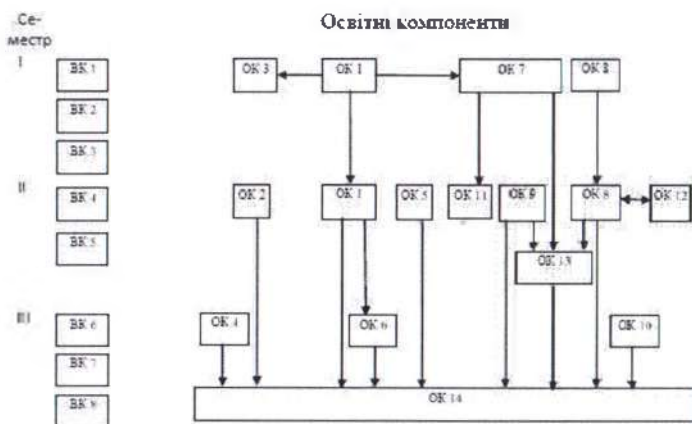
K14. Здатність прогнозувати напрямки розвитку сучасної біотехнології в контексті загального розвитку науки і техніки.

K15. Здатність застосовувати сучасні методи системного аналізу для дослідження та створення ефективних біотехнологічних процесів.

Програмні результати навчання:

PR05. Знати молекулярну організацію та регуляцію експресії генів, реплікації, рекомбінації та репарації, рестрикції та модифікації генетичного матеріалу у про- та еукаріотів, стратегію створення рекомбінантних ДНК для цілеспрямованого конструювання біологічних агентів.

4. Місце дисципліни у структурі навчальних дисциплін



Структурно-логічна схема

5. Передумови для вивчення дисципліни

Дисципліна ґрунтується на основі фундаментальної та загально-прикладної підготовки з математики, комп'ютерної біометрії, обчислювальної техніки та програмування, генетики, розведення сільськогосподарських тварин, еволюційних основ селекції.

При повному опануванні дисципліни здобувач вищої освіти (зво) повинен:

знати:

- основні принципи аналізу та теоретичні основи методів, використовуваних для його реалізації;
- мати уявлення про особливості комп'ютерного та теоретичного аналізу структур генетичних макромолекул;
- теоретичні засади молекулярної філогенетики та філогеографії;
- фактори і механізми молекулярної еволюції;
- молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі;
- сучасні концепції виду;

вміти:

- проводити аналіз структури білків, ДНК і РНК за допомогою ресурсів, доступних в Інтернет;
- застосовувати головні методи філогенетики (кладистичні, дистантні та імовірнісні) молекулярних даних; застосовувати бази даних молекулярних послідовностей і сучасні комп'ютерні програми для побудови філогенетичних дерев і мереж (нетворків);
- запропонувати еволюційний сценарій для групи, що досліджується, на підставі отриманого філогенетичного дерева.

6. Структурно-логічна схема навчальної дисципліни

Змістовний модуль		Темати		Обсяги годин				
№	назва	№	назва	ЛК	ПЗ	ЛЗ	СРС	Разом
1	Молекулярна еволюція	1	Молекулярні основи еволюції	2	2	2	10	16
		2	Еволюція амінокислотних послідовностей	2	2	2	12	18
Всього за змістовний модуль				4	4	4	22	34
2	Молекулярна філогенетика	1	Філогенетичні дерева. Побудова філогенії. Тестування філогенії	1	1	1	9	12
		2	Гіпотеза молекулярних годинників та	2	2	2	12	18

			лінеаризовані дерева					
		3	Предкові нуклеотидні та амінокислотні послідовності	1	1	1	11	14
		4	Генетичний поліморфізм та еволюція.	2	2	2	12	18
		5	Популяційні дерева за генетичними маркерами	1	1	1	11	14
		6	Походження та еволюція сільськогоспода рських тварин	1	1	1	9	12
Всього за змістовний модуль				8	8	8	64	88
3	Біоінформати ка	1	Аналіз генетичних послідовностей. Анотація геномів.	2	2	2	8	14
		2	Оцінка біологічного різноманіття. Еволюційна біологія.	2	2	2	8	14
Всього за змістовний модуль				4	4	4	16	28
Всього годин по навчальній дисципліні				16	16	16	102	150

7. Зміст навчальної дисципліни

7.1. Загальний розподіл годин і кредитів

Назва змістовного модуля	Кількість годин і кредитів		
	год.	кредитів	%
Молекулярна еволюція	34	1,133	22,7
Молекулярна філогенетика	88	2,933	58,7
Біоінформатика	28	0,933	18,7
Всього	150	5,0	100,0

7.2. Склад, обсяг і терміни виконання змістовних модулів

Назва змістовного модуля	Кількість годин	Термін виконання
--------------------------	--------------------	------------------

Молекулярна еволюція	34	Відповідно до семестрового навчального плану та графіку навчального процесу
Молекулярна філогенетика	88	
Біоінформатика	28	
Всього	150	x

7.3. Перелік та короткий зміст лекцій

Змістовний модуль 1. Молекулярна еволюція

Тема 1. Молекулярні основи еволюції

Key words: the neutral theory of molecular evolution, DNA, RNA, proteins, forces in molecular evolution

Тема 2. Еволюція амінокислотних послідовностей. Синонімічні і несинонімічні нуклеотидні заміни

Key words: evolution of amino acid sequences, synonymous and non-synonymous nucleotide substitutions

Змістовний модуль 2. Молекулярна філогенетика

Тема 3. Філогенетичні дерева. Побудова філогенії. Тестування філогенії

Key words: phylogenetic trees, construction of phylogeny, phylogeny testing

Тема 4. Гіпотеза молекулярних годинників та лінеаризовані дерева

Key words: molecular clock hypothesis, linearized phylogeny trees

Тема 5. Предкові нуклеотидні та амінокислотні послідовності

Key words: Ancestral nucleotide sequences, ancestral amino acid sequences

Тема 6. Генетичний поліморфізм та еволюція.

Key words: Genetic polymorphism, evolution, genetic diversion, adaptation, natural speciation

Тема 7. Популяційні дерева за генетичними маркерами

Key words: protein polymorphism, gene mapping, RFLP, AFLP, RAPD, STR, SNP

Тема 8. Походження та еволюція сільськогосподарських тварин

Key words: origin of farm animals, evolution of farm animals, artificial selection

Змістовний модуль 3. Біоінформатика

Тема 9. Аналіз генетичних послідовностей. Анотація геномів.

Key words: DNA sequencing, sequence assembly, genome annotation, comparative genomics

Тема 10. Оцінка біологічного різноманіття. Еволюційна біологія.

Key words: network and systems biology, biodiversity informatics, Biodiversity

7.4. Перелік та план практичних та лабораторних занять

Назва змістовного модуля/тема	Обсяг годин	Форма контролю
<i>Змістовний модуль 1. Молекулярна еволюція</i>	4/4	х
Молекулярні основи еволюції	2/2	Тестове опитування. Індивідуальна робота*.
Еволюція амінокислотних послідовностей	2/2	Тестове опитування Модульна контрольна робота.
<i>Змістовний модуль 2. Молекулярна філогенетика</i>	8/8	х
Філогенетичні дерева. Побудова філогенії. Тестування філогенії	1/1	Тестове опитування. Індивідуальна робота. Рішення задач.
Гіпотеза молекулярних годинників та лінеаризовані дерева	2/2	Тестове опитування. Індивідуальна робота.
Предкові нуклеотидні та амінокислотні послідовності	1/1	Тестове опитування Індивідуальна робота. Рішення задач.
Генетичний поліморфізм та еволюція.	2/2	Тестове опитування. Індивідуальна робота. Рішення задач.
Популяційні дерева за генетичними маркерами	1/1	Тестове опитування. Індивідуальна робота. Рішення задач.
Походження та еволюція сільськогосподарських тварин	1/1	Тестове опитування Модульна контрольна робота
<i>Змістовний модуль 3. Біоінформатика</i>	4/4	х
Аналіз генетичних послідовностей. Анотація геномів.	2/2	Тестове опитування. Індивідуальна робота. Рішення задач.
Оцінка біологічного різноманіття. Еволюційна біологія.	2/2	Тестове опитування. Модульна контрольна робота.
Разом по дисципліні	16/16	х

* див. Перелік тем індивідуальних робіт

Перелік тем індивідуальних робіт

1. Що є предметом дослідження молекулярної еволюції?
2. В чому відмінність між моделями еволюції ДНК Джукса-Кантора і Кімури?
3. В яких одиницях вимірюється еволюційне відстань амінокислотних послідовностей?
4. Яким чином впливають амінокислотні заміни на стабільність і функцію білка?
5. Наведіть основні положення нейтральної теорії?
6. Який інформацію можна отримати на основі множинного вирівнювання амінокислотних послідовностей?
7. У чому полягає алгоритм прогресивного множинного вирівнювання?
8. Наведіть приклади баз даних множинних вирівнювань.
9. Які існують методи побудови філогенетичних дерев?
10. В чому полягають особливості еволюції білків у порівнянні з моделлю Дайхоффа?
11. Що таке координовані заміни залишків і чим вони обумовлені?
12. Какі основні геометричні перетворення використовуються для порівняння білкових структур?
13. Наведіть приклади програм структурного вирівнювання і вкажіть їх основні особливості.
14. Які існують бази даних по класифікації білкових структур? Наведіть приклад.
15. В чому особливість еволюції білкових структур?
16. Що таке ортологи і паралогию?
17. Особенності еволюції білкових сімейств.
18. Які існують класи функціональних сайтів білків?
19. Які існують методи розпізнавання активних сайтів білків?
20. Наведіть приклади методів аналізу взаємозв'язку між структурою білка і його активністю.
21. Вкажіть основні етапи життєвого циклу білків.
22. У чому полягає роль протеасоми в білкової деградації?
23. Наведіть основні типи вторинної структури РНК.
24. У чому полягає порівняльний підхід до передбачення структури РНК?

7.5 Теми, форма контролю та перевірки завдань, які винесені на самостійне обов'язкове опрацювання

Назва змістовного модуля/тема	Обсяг годин	Завдання
<i>Змістовний модуль 1. Молекулярна еволюція</i>	22	x
Молекулярні основи еволюції	10	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Еволюція амінокислотних послідовностей	12	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.

Назва змістовного модуля/тема	Обсяг годин	Завдання
Змістовний модуль 2. Молекулярна філогенетика	64	x
Філогенетичні дерева. Побудова філогенії. Тестування філогенії	9	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Гіпотеза молекулярних годинників та лінеаризовані дерева	12	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Предкові нуклеотидні та амінокислотні послідовності	11	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Генетичний поліморфізм та еволюція.	12	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Популяційні дерева за генетичними маркерами	11	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Походження та еволюція сільськогосподарських тварин	9	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Змістовний модуль 3. Біоінформатика	16	x
Аналіз генетичних послідовностей. Анотація геномів.	8	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Оцінка біологічного різноманіття. Еволюційна біологія.	8	Перевірка рефератів. Аналіз модельних прикладів.
Разом по дисципліні	102	x

7.6 Питання для поточного та підсумкового контролю знань здобувачів вищої освіти

1. Які розділи має молекулярна еволюція?
2. Які основні характеристики модифікацій? Які є типи модифікацій?
3. Які є форми філогенетичних дерев?
4. Яке значення мають мутації в еволюційному та селекційному процесі?
5. Що таке генетичний поліморфізм?
6. Які є елементарні фактори еволюції?
7. Які є механізми підтримання внутрішньопопуляційного генетичного поліморфізму?
8. Яке еволюційне значення популяційних хвиль?
9. Які є типи поліморфних генетичних маркерів?
10. Яке еволюційне значення має ізоляція?
11. На якому принципі побудовані маркери на основі ДНК-зондів?
12. Які є ПЛР-маркери?
13. Які головні форми боротьби за існування?
14. Який характер мають амінокислотні заміни?
15. Що таке еволюційна відстань?

16. Що є основними задачами молекулярної еволюції?
17. Які головні типи природного відбору?
18. Які існують методи обчислення еволюційних дистанцій між амінокислотними послідовностями?
19. Що таке дестабілізуючий відбір та його роль у доместикаційному процесі?
20. Які є методи приблизної оцінки еволюційних дистанцій?
21. Яке значення та творча роль природного відбору?
22. Які є методи корегованої оцінки еволюційних дистанцій?
23. Що таке вид? Які основні критерії виду? Які загальні ознаки виду?
24. Що таке природний відбір та які його головні особливості?
25. Що таке видоутворення? Які фактори зумовлюють темпи видоутворення?
26. Яка заміна нуклеотида вважається синонімічною, а яка несинонімічною?
27. Яке значення мають одомашненні тварини?
28. Як визначається швидкість синонімічних і несинонімічних замін?
29. Що таке біологічна еволюція? Які головні ознаки біологічної еволюції?
30. Що таке транзиція?
31. Що таке молекулярна еволюція?
32. Які вимоги пред'являють до елементарної еволюційної одиниці?
33. Що таке трансверсія?
34. Що таке селекційні тести?
35. Що таке філогенетика?
36. Які фактори впливають на ефективність штучного відбору?
37. Які є типи філогенетичних дерев?
38. Які особливості природного та штучного відбору?
39. Які методи використовує молекулярна еволюція?
40. Які особливості фенетичних методів аналізу?
41. Що таке популяція? Її основні критерії.
42. Які особливості кладистичних методів аналізу?
43. Які положення має теорія нейтральної молекулярної еволюції?
44. Що таке генетична гетерогенність? Які основні фактори підтримки генетичного поліморфізму?
45. Що є об'єктами дослідження молекулярної еволюції?

8. Форма підсумкового контролю, критерії оцінювання результатів навчання та рейтингова оцінка знань здобувачів вищої освіти з дисципліни

Оцінювання знань здобувачів вищої освіти під час практичних занять та виконання індивідуальних завдань *проводиться за такими критеріями:*

знання про теоретичні засади молекулярної філогенетики та фітогеографії, фактори і механізми молекулярної еволюції, молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі, сучасні концепції

виду;

вміння комп'ютерного та теоретичного аналізу структури білків, ДНК і РНК за допомогою ресурсів, доступних в Інтернет, застосовувати головні методи філогенетики (кладистичні, дистантні та імовірнісні) молекулярних даних, застосовувати бази даних молекулярних послідовностей і сучасні комп'ютерні програми для побудови філогенетичних дерев і мереж (нетворків), запропонувати еволюційний сценарій для групи, що досліджується, на підставі отриманого філогенетичного дерева.

При оцінюванні індивідуальних завдань увага приділяється вмінню вибирати та використовувати на практиці основні методи молекулярної філогенетики та біоінформатики для розв'язання практичних задач.

При оцінюванні результатів **самостійної роботи** здобувачів враховується ступінь засвоєння основного навчального матеріалу в обсязі, необхідному для подальшого навчання і майбутньої роботи за фахом, виконання завдань, передбачених програмою, володіння основною та рекомендованою літературою.

Рейтингова оцінка знань здобувачів вищої освіти з дисципліни

№ п/п	Форма контролю	Контроль протягом семестру	Максимальна / мінімальна кількість балів
1	Тестове опитування на практичному занятті за темою	5	3 / 1
2	Виконання самостійного робота	5	4 / 1
3	Виконання лабораторного практикуму	5	4 / 1
4	Модульна контрольна робота	3	15 / 1
Усього (балів)		x	100 / 60

По закінченню 2-го семестру проводиться іспит у письмовій формі з максимальною кількістю балів – 40.

Критерії оцінки відповідей на питання наступні:

Оцінка	Знання	Вміння
«відмінно»	Повні і глибокі, використовується спеціальна термінологія і наводяться приклади	Відповідно до існуючих правил використовується спеціальна термінологія; вміння виконувати відповідні лабораторні роботи, пошук і користування спеціальною довідковою літературою
«добре»	Добрі теоретичні знання, використовується спеціальна термінологія	Як правило спеціальна термінологія застосовується вірно, висновки присутні без їх належного аналізу та інтерпретації; вміння

		користування спеціальною довідковою літературою
«задовільно»	Недостатні, поверхневі знання, володіння спеціальною термінологією, приклади відсутні	Виконання спеціальних завдань фрагментарне, спеціальна термінологія застосовується, висновки неповні без аналізу, відсутня їх інтерпретація; відсутність навичок самостійного користування спеціальною довідковою літературою
«незадовільно»	Фрагментарні знання (типу «уявлень»), відсутня спеціальна термінологія, відсутні приклади	Незнання спеціальної термінології, відсутність навичок щодо виконання дій лабораторії, невміння користування спеціальною довідковою літературою та формування висновків

Розподіл балів, які отримують здобувачі вищої освіти, та шкала оцінювання

За шкалою ECTS	За національною шкалою	За шкалою навчального закладу
A	Відмінно	90-100
B	Добре	82-89
C		75-81
D	Задовільно	64-74
E		60-63
FX	Незадовільно з можливістю повторного складання	35-59
F	Незадовільно з обов'язковим повторним курсом	1-34

9. Інструменти, обладнання та програмне забезпечення, використання яких передбачає навчальна дисципліна

Лабораторія інформаційних технологій та біоінформатики № 206 (72 м²)

Навчальний корпус № 1, вул. Генерала Карпенка, 73

Спеціальне технічне обладнання:

Мультимедійне обладнання:

- екран проєкційний – 1 шт.
- проєктор EB-S62 – 1 шт.
- нетбук MSIN10 O-897UA - 1 шт.

ПК системний блок Intel E3400 MSI G41, 2048Mb RAM, 160 Gb HDD + монітор Samsung E1920NW + клавіатура Genius + миша Genius – 6 шт.
ПК системний блок AMD Sempron LE – 1250, 3000Mb RAM, 160 Gb HDD + монітор LG + клавіатура Genius + миша Genius - 11 шт.

Прикладне програмне забезпечення:

Корпоративне ліцензування «Volume Licensing», Parent program: OPEN 93947897ZZE1608, Software Assurance (SA) №63986644, 63986649, 63986652: Windows 7 Enterprise SPI – 17 шт.

Google Chrome

Mozilla Firefox

Доступ до мережі Internet.

Онлайн-сервіс відеозв'язку (на власних серверах) на базі Jitsi Meet.

Інформаційне забезпечення:

Інструкції з техніки безпеки та безпеки життєдіяльності.

Довідникова та нормативна література.

Навчальні фільми.

Презентації у режимі PowerPoint.

Устаткування:

Столи: комп'ютерні – 17 шт.

учнівські – 9 шт.

Стільці – 35 шт.

Стіл для викладача – 1 шт.

Стілець для викладача – 1 шт.

Шафа для зберігання літератури – 1 шт.

Дошка для крейди темно-зеленого кольору – 1 шт.

Кафедра – 1 шт.

Інструкції з техніки безпеки та безпеки життєдіяльності

Для проведення лабораторних робіт є пакети прикладних програм: PAST; MEGA; DNAsp; PopART.

10. Перелік рекомендованих літературних джерел та законодавчо-нормативних актів

10.1 Базова література

Аналіз біометричних даних у розведенні та селекції тварин : навчальний посібник / С. С. Крамаренко, С. І. Луговий, А. В. Лихач, О. С. Крамаренко. Миколаїв : МНАУ, 2019. 211 с.

Воронова Н. В., Горбань В. В., Сарабєєв В. Л. Теорія еволюції : навчально-методичний посібник. Запоріжжя : Запорізький національний університет, 2022. 93 с.

Горобець С. В., Горобець О. Ю., Дем'яненко І. В. Біоінформатика. Практикум : навчальний посібник. Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 87 с..

- Кеца О. В. Основи біоінформатики : навчально-методичний посібник. Чернівці : Чернівецький нац. ун-т ім. Ю. Федьковича, 2018. 192 с.
- Кисляк С. В., Настенко Є. А. Основи молекулярної біології та біоінформатики : навчальний посібник Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2018. 95 с.
- Молекулярна біологія РНК та синтезу білків : Лабораторний практикум / А. І. Степаненко, О. Р. Лахнеко, Л. В. Маринченко, М. О. Банникова. Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2021. 71 с.
- Трофименко О. Л., Гиль М. І., Сметана О. Ю. Генетика популяцій : підручник. Миколаїв : Видавничий дім «Гельветика», 2018. 254 с.
- Основи біоінформатики : навчальний посібник / В. М. Попов, С. В. Лиманська, Г. Є. Чернищенко, Ю. М. Тереняк. Харків : ХНАУ, 2021. 108 с.
- Kumar, A., Choudhury, B., Dayanandan, S., & Khan, M. L. (Eds.). Molecular genetics and genomics tools in biodiversity conservation. Springer, 2022. 328 p.

10.2 Допоміжна література

- Методологія оцінки генотипу тварин за молекулярно-генетичними маркерами у тваринництві України : монографія / К. В. Копилов, О. М. Жукорський, К. В. Копилова та ін.; за наук. ред. акад. НААН М. В. Гладія. Київ : Аграрна наука, 2015. 208 с.
- Ней М., Кумар С. Молекулярна еволюція та філогенетика. Київ : КВЦ, 2004. 418 с.
- Огурцов А. В. Введение в биоинформатику. Харків : НТУ «ХПИ», 2011. 208 с.
- Огурцов А. В. Методы биоинформационного анализа. Харків : НТУ «ХПИ», 2011. 114 с.
- Огінова І. О., Пахомов О. Є. Теорія еволюції (системний розвиток життя на Землі) : підручник. Дніпропетровськ : Вид-во Дніпропетр. ун-ту, 2011. 540 с.
- The Genetics of Horse / Edited by A.T. Bowling & A.Ruvinsky. CABI Publishing, 2000. 527 p.
- Biology of Breeding Poultry / Edited by Paul M. Hocking. CABI Publishing, 2009. 479 p.
- The Genetics of the Pig / Edited by M.Rothschild & A.Ruvinsky. CABI Publishing, 2011. 520 p.
- The Genetics of Cattle / Edited by D.Garrick & A.Ruvinsky. CABI Publishing, 2014. 634 p.
- Genetics of Reproduction in Sheep / Edited by R.B. Land & D.W. Robinson. Oxford : Butterworth-Heinemann Elsevier Ltd, 2013. 427 p.

10.3 Інформаційні ресурси

Basic	Local	Alignment	Search	Tool	(BLAST)	-
https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi						
The	National	Center	for	Biotechnology	Information	-
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/						
The	European	Nucleotide		Archive	(ENA)	-
https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home						
Molecular	Evolutionary	Genetics		Analysis	(MEGA)	-
https://www.megasoftware.net/						
Multiple	Sequence	Alignment			(MUSCLE)	-
https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/						

Професор



Сергій КРАМАРЕНКО

ДОДАТОК
до робочої програми 2024-2025 н.р. навчальної дисципліни
«МОЛЕКУЛЯРНА ФІЛОГЕНЕТИКА ТА
БІОІНФОРМАТИКА»

Перелік внесених змін на 2024 -2025 н.р.

№	Зміст змін	Підстава	Примітки
	Додано нові літературні джерела в списку основної, додаткової літератури та інформаційні ресурси.	Оновлення навчально-методичних видань для підготовки зво до занять.	

Розробник програми
д-р біол. наук, професор



Сергій КРАМАРЕНКО

В.о. завідувача кафедри
канд. с.-г. наук, доцентка



Олена КАРАТЄЄВА

