

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ**  
**Львівський національний університет імені Івана Франка**  
**Біологічний факультет**  
**Кафедра мікробіології**

**Затверджено**  
на засіданні кафедри мікробіології  
біологічного факультету  
Львівського національного університету імені  
Івана Франка  
(протокол № 1 від 31 серпня 2020 р.)

Завідувач кафедри, проф.  С.О. Гнатуш

**Силабус з навчальної дисципліни**  
**«Філогенія прокаріот»,**  
що викладається в межах ОНП  
третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти для здобувачів зі  
спеціальності 091 – біологія

Львів

<b>Назва курсу</b>	Філогенія прокаріот.
<b>Адреса викладання курсу</b>	Кафедра мікробіології, вул. Грушевського 4, Львів, 79005.
<b>Факультет та кафедра, за якою закріплена дисципліна</b>	Біологічний факультет, кафедра мікробіології.
<b>Галузь знань, шифр та назва спеціальності</b>	09 біологія, спеціальність 091 – Біологія.
<b>Викладачі курсу</b>	Гнатуш Світлана Олексіївна, кандидат біол. наук, професор, завідувач кафедри мікробіології.
<b>Контактна інформація викладачів</b>	<a href="mailto:svitlana.hnatush@lnu.edu.ua">svitlana.hnatush@lnu.edu.ua</a> <a href="https://bioweb.lnu.edu.ua/employee/hnatush-s-o-2">https://bioweb.lnu.edu.ua/employee/hnatush-s-o-2</a>
<b>Консультації по курсу відбуваються</b>	вул. Грушевського 4, ауд. 302. Консультації за попередньою домовленістю. Он-лайн консультації через Zoom. Для погодження часу он-лайн консультацій слід писати на електронну пошту або телефонувати.
<b>Сторінка курсу</b>	<a href="https://e-learning.lnu.edu.ua/course/view.php?id=4119">https://e-learning.lnu.edu.ua/course/view.php?id=4119</a>
<b>Інформація про курс</b>	Курс розроблено таким чином, щоб надати учасникам необхідні знання, обов'язкові для того, щоб ідентифікувати мікроорганізми та встановити філогенетичні зв'язки з використанням сучасних методів біологічних досліджень. Тому у курсі представлено як огляд концепцій фенетичної і філогенетичної систематики, так і процесів та інструментів, які потрібні для встановлення філогенетичних зв'язків між прокаріотами на основі визначення послідовностей нуклеотидів чи амінокислот, використання програмного забезпечення для визначення ступеня спорідненості між прокаріотами і побудови філогенетичних дерев
<b>Коротка анотація курсу</b>	Дисципліна є вибірковою дисципліною з спеціальності 091 – Біологія для ОНП третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти, яка викладається в 3 семестрі в обсязі 3 кредитів (за ECTS).
<b>Мета та цілі курсу</b>	Ознайомити із фенетичною і філогенетичною систематикою прокаріот, способами визначення філогенетичних зв'язків між ними на основі результатів молекулярно-біологічних досліджень, сформуванню навички побудови філогенетичних дерев. Сформуванню арсенал активних знань з філогенії прокаріот і навчити формулювати завдання та вирішувати їх, залучаючи сучасні методи мікробіології, молекулярної біології, біоінформатики.
<b>Література для вивчення дисципліни</b>	<b>Основна література:</b> 1. Методичні рекомендації для побудови філогенетичних дерев за допомогою програми MEGA5/ Упорядк. Будничівська І.Г. Київський національний університет імені Тараса Шевченка. 2013. 21 с. 2. Ней М. Кумар. Молекулярная эволюция и филогенетика. К.: КВЦ, 2004. 333 с. 3. Buckley T. R. Model misspecification and probabilistic tests of topology;

	<p>evidence from empirical data sets // Syst. Biol. 2002. № 51. P. 509–523.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>4. Buckley T. R., Cunningham C. W. The effects of nucleotide substitution model assumptions on estimates of nonparametric bootstrap support // Mol. Biol. Evol. 2002. № 19. P. 394–405.</li> <li>5. Combining multiple data sets in a likelihood analysis: Which models are the best / T. Pupko, D. Huchon, Y. Cao [et al.] / Mol. Biol. Evol. 2002. № 19. P. 2294–2307.</li> <li>6. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods / K. Tamura, D. Peterson, N. Peterson [et al.] // Mol. Biol. Evol. 2011. V. 28, № 10. P. 2731–2739.</li> <li>7. Posada D. Crandall K. A. The effect of recombination on the accuracy of phylogeny estimation // J. Mol. Evol. 2002. № 54. P. 396–402.</li> <li>8. Higgs P.G., Attwood T.K. Bioinformatics and Molecular Evolution. Blackwell Publishing, Oxford, 2005. 398 p. ISBN 1–4051–0683–2.</li> <li>9. Durbin R., Eddy S., Krogh A., Mitchison G. Biological Sequence Analysis. Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge University Press, Cambridge, 1998. 371 p. ISBN-13 978-0-521-62971-3</li> <li>10. Borodovsky M., Ekisheva S. Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis. Cambridge University Press, Cambridge, 2006. 362 p. ISBN-13 978-0-521-61230-2</li> <li>11. Bioinformatics: a practical guide to the analysis of genes and proteins, 2nd Ed / A.D Baxevanis, BFF Ouellette. New York: John Wiley &amp; Sons, 2001. – 455 p.</li> <li>12. Allman E.S, Rhodes J.A. Mathematical Models in Biology. An Introduction. Cambridge University Press, Cambridge, 2003. 386 p. 6. Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics. 3rd edition. Wiley Blackwell, London. 2015. 1116 p. ISBN 978-1-118-58178-0.</li> <li>13. Barton NH, Briggs DEG, Eisen JA, Goldstein DB, Patel NH. Chapter 26. Phylogenetic reconstruction. In: Evolution. CSHL Press, 2007, 833 p.</li> <li>14. Yang Z. Computational Molecular Evolution. Oxford University Press, 2006. 374 p.</li> </ol> <p><b>Додаткові ресурси:</b>  <a href="https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/search/topics.php?topic_id=15">https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/search/topics.php?topic_id=15</a>  <a href="https://www.megasoftware.net/dload_mac_beta">https://www.megasoftware.net/dload_mac_beta</a>  <a href="https://www.megasoftware.net/docs">https://www.megasoftware.net/docs</a>  <a href="http://rosalind.info/problems/locations/">http://rosalind.info/problems/locations/</a>  <a href="http://rosalind.info/problems/list-view/">http://rosalind.info/problems/list-view/</a>  <a href="https://www.patricbrc.org/">https://www.patricbrc.org/</a>  <a href="https://unipro-ugene.software.informer.com/1.9/">https://unipro-ugene.software.informer.com/1.9/</a>  <a href="https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml">https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml</a>  <a href="http://www.lbgi.fr/wscoperr?Balibase&amp;FileMoi&amp;macsimHtml&amp;BB11033">http://www.lbgi.fr/wscoperr?Balibase&amp;FileMoi&amp;macsimHtml&amp;BB11033</a>  <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank</a></p>
<b>Тривалість курсу</b>	Один семестр.
<b>Обсяг курсу</b>	90 годин: 32 години лекцій, 16 годин практичних занять, 42 години самостійної роботи.
<b>Очікувані результати навчання</b>	<p>Після завершення цього курсу аспірант буде:</p> <p><b>знати:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• генетичні, морфологічні, біохімічні, фізіологічні властивості різних груп прокариот, еволюційні зв'язки між ними;</li> <li>• таксономічну термінологію прокариот;</li> <li>• методи встановлення філогенетичних зв'язків між прокариотами на</li> </ul>

	<p>основі визначення послідовностей нуклеотидів чи амінокислот.</p> <p><b>вміти:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• проводити теоретичні порівняння та експериментальні дослідження для визначення генетичних, морфологічних, біохімічних, фізіологічних властивостей прокаріот різних систематичних груп;</li> <li>• використовувати таксономічну термінологію у професійній діяльності в галузі мікробіології;</li> <li>• користуватися програмним забезпеченням для аналізу нуклеотидних і амінокислотних послідовностей;</li> <li>• встановити філогенетичні зв'язки між бактеріями на основі визначення послідовностей нуклеотидів чи амінокислот;</li> <li>• ідентифікувати бактерії та прогнозувати їх властивості за зміни умов середовища;</li> <li>• проводити аналіз результатів роботи інших дослідників з питань філогенії прокаріот.</li> </ul>
<b>Ключові слова</b>	Визначення і бази послідовності нуклеотидів і амінокислот, монофілія, поліфілія, аналіз нуклеотидних і амінокислотних послідовностей, філогенетичні зв'язки, еволюція прокаріот, множинні і попарні вирівнювання, філогенетичні реконструкції.
<b>Формат курсу</b>	Очний (денний, вечірній), заочний
	Проведення лекцій, практичних робіт та консультацій
<b>Теми</b>	<p>Тема 1. Історія розвитку систематики прокаріот. Критерії виду. Методи для визначення критеріїв виду бактерій.</p> <p>Тема 2. Фенетична систематика прокаріот.</p> <p>Тема 3. Філогенетична систематика прокаріот.</p> <p>Тема 4. Філогенетичні зв'язки між прокаріотами на основі визначення послідовностей нуклеотидів чи амінокислот.</p> <p>Тема 5. Програмне забезпечення для аналізу нуклеотидних і амінокислотних послідовностей.</p> <p>Тема 6. Методи побудови філогенетичних дерев.</p> <p>Тема 7. Еволюція прокаріот та фактори, які впливають на неї.</p> <p>Тема 8. Практичне використання визначення філогенетичної спорідненості прокаріот у науковій роботі.</p>
<b>Підсумковий контроль, форма</b>	<p>Іспит. Форми: письмова, тестова, усна.</p> <p>Семестрове оцінювання – 50 балів.</p> <p>Підсумкове оцінювання (іспит) – 50 балів. Білет містить 5 запитань по 10 балів.</p>
<b>Пререквізити</b>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Знання основ мікробіології, біохімії, генетики, молекулярної біології, біоінформатики.</li> <li>2. Вміння орієнтуватися в сучасних методах мікробіології, молекулярної біології, біоінформатики.</li> <li>3. Володіння елементарними навичками опрацювання наукової літератури, вирішення задач, біоінформатичного аналізу та аналізу даних, роботи з матеріалами та обладнанням, що використовують в мікробіологічній лабораторії.</li> <li>4. Базові навички роботи з комп'ютером. Наявність комп'ютера/смартфона з підключенням до інтернету.</li> </ol>
<b>Навчальні методи та техніки, які будуть використовуватися</b>	Презентація, лекції, колаборативне навчання (спільні розробки, навчальні спільноти і т. д.) проєктно-орієнтоване навчання, дискусія, Методи контролю: усний, письмовий.

ватися під час викладання курсу	
Необхідне обладнання	комп'ютер/ноутбук, мультимедійний проектор.
Критерії оцінювання (окремо для кожного виду навчальної діяльності)	<p>Оцінювання проводиться за 100-бальною шкалою. Бали нараховуються за наступним співвідношенням:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• практичні заняття/завдання самостійної роботи, індивідуальне завдання: 30 % семестрової оцінки; максимальна кількість балів – 30;</li> <li>• контрольна робота (модульна): 20 % семестрової оцінки; максимальна кількість балів – 20;</li> <li>• іспит: 50 % оцінки за дисципліну; максимальна кількість балів – 50.</li> </ul> <p><b>Академічна доброчесність:</b> Очікується, що роботи аспірантів будуть їх оригінальними дослідженнями чи міркуваннями. Відсутність посилань на використані джерела, фабрикування джерел, списування, втручання в роботу інших аспірантів становлять, але не обмежують, приклади можливої академічної недоброчесності. Виявлення ознак академічної недоброчесності в письмовій роботі аспірантів є підставою для її незарахування викладачем, незалежно від масштабів плагіату чи обману.</p> <p><b>Відвідання занять</b> є важливою складовою навчання. Очікується, що всі аспіранти відвідають усі лекції і практичні заняття курсу. Аспіранти мають інформувати викладача про неможливість відвідати заняття. У будь-якому випадку аспіранти зобов'язані дотримуватися усіх строків визначених для виконання усіх видів письмових робіт, передбачених курсом.</p> <p><b>Література.</b> Уся література, яку аспіранти не зможуть знайти самостійно, буде надана викладачем виключно в освітніх цілях без права її передачі третім особам. Аспіранти заохочуються до використання також й іншої літератури та джерел, яких немає серед рекомендованих.</p> <p><b>Політика виставлення балів.</b> Враховуються бали набрані на поточному тестуванні, самостійній роботі та бали за іспит. Індивідуальне завдання передбачає ідентифікацію штаму мікроорганізмів і побудову філогенетичного дерева. У випадку успішного виділення культури мікроорганізмів, ідентифікації, побудови філогенетичного дерева та публікації/підготовки публікації за результатами дослідження у фаховому виданні можуть зараховуватися 10 балів до модуля I (два теоретичні запитання). Порушення академічної доброчесності не толерується.</p>
Питання до модульних контролів (замірив знань)	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Історія систематики бактерій.</li> <li>2. Генетичні, морфологічні, біохімічні, фізіологічні властивості різних груп прокаріотів, які використовують для систематики та ідентифікації.</li> <li>3. Сучасне визначення виду бактерій. Критерії виду.</li> <li>4. Основні таксони фенетичної і філогенетичної систематики бактерій.</li> <li>5. Загальна характеристика філогенетичної систематики прокаріот.</li> <li>6. Основні поняття у галузі філогенетичної реконструкції.</li> <li>7. Еволюційна спорідненість прокаріот.</li> <li>8. Характеристика основних таксонів.</li> <li>9. Філогенетичні зв'язки між прокаріотами на основі визначення послідовностей нуклеотидів чи амінокислот.</li> <li>10. Методи визначення послідовності нуклеотидів.</li> <li>11. Методи визначення послідовності амінокислот.</li> <li>12. Методи філогенетичного аналізу.</li> </ol>

	<p>13. Методи вирівнювання нуклеотидних послідовностей.</p> <p>14. Поняття монофілії, поліфілії, парафілії. Гомології ознак.</p> <p>15. Програми для редагування генетичної інформації, яка поступає з приладів для визначення нуклеотидних послідовностей.</p> <p>16. Програми для зберігання і редагування послідовностей.</p> <p>17. Міжнародні бази даних, які зберігають генетичні послідовності.</p> <p>18. Програми для вирівнювання послідовностей.</p> <p>19. Програми для філогенетичного аналізу послідовностей.</p> <p>20. Програми для вирішення спеціальних завдань.</p> <p>21. Елементи філогенетичного дерева.</p> <p>22. Типи філогенетичних дерев.</p> <p>23. Кладограми.</p> <p>24. Філограми.</p> <p>25. Вкорінені і некорінені дерева.</p> <p>26. Основні етапи філогенетичної реконструкції</p> <p>27. Методи статистичної оцінки філогенетичних дерев.</p> <p>28. Порядок роботи в програмі MEGAX.</p> <p>29. Еволюція типів живлення та способів отримання енергії.</p> <p>30. Роль фотосинтезувальних прокариот в еволюції життя.</p> <p>31. Ендосимбіотичні теорії походження органел еукаріот.</p> <p>32. Мікробні біоплівки як етап розвитку комунікації у прокариот.</p> <p>33. Практичне використання філогенетичного аналізу.</p>
--	--

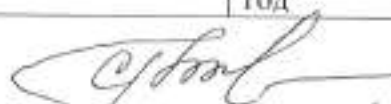
Таблиця 1

## Схема курсу «Філогенія прокариот»

Тижде нь	Тема занять (перелік питань)	Форма діяльності та обсяг годин	Термін виконання
1	Історія розвитку систематики прокариот. Критерії виду. Методи для визначення критеріїв виду бактерій.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 6 год	2 тижні
2	Фенетична систематика прокариот.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 6 год	2 тижні
3	Філогенетична систематика прокариот.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 9 год	2 тижні
4	Філогенетичні зв'язки між прокариотами на основі визначення послідовностей нуклеотидів чи амінокислот.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 6 год	2 тижні
5	Програмне забезпечення для аналізу нуклеотидних і амінокислотних послідовностей.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 6 год	2 тижні
6	Методи побудови філогенетичних дерев.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год	2 тижні

		самостійна робота – 3 год	
7	Еволюція прокариот та фактори, які впливають на неї.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 3 год	2 тижні
8	Практичне використання визначення філогенетичної спорідненості прокариот у науковій роботі.	Лекції – 4 год, практична робота – 2 год самостійна робота – 3 год	2 тижні

Автор



Світлана Гнатуш  
«Погоджено»

Голова методичної ради  
біологічного факультету

Віталій Гончаренко

25.05.2020р.



Гарант ОНП

Андрій Бабський

24.05.2020р.