

Міністерство освіти і науки України  
Львівський національний університет імені Івана Франка  
Біологічний факультет  
Кафедра генетики та біотехнології

**Затверджено**

На засіданні кафедри генетики та  
біотехнології біологічного факультету  
Львівського національного університету  
імені Івана Франка  
(протокол № 15 від 10.03.2021 р.

Завідувач кафедри \_\_\_\_\_



Силабус з навчальної дисципліни

“Молекулярна філогенетика”

що викладається в межах ОПН 091 Біологія  
третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти  
для здобувачів спеціальності 091 Біологія

Львів

Назва курсу	Молекулярна філогенетика
Викладач (-і)	Богдан Омелянович Остап
Профайл викладача	<a href="http://bioweb.lnu.edu.ua/employee/ostash-b-o">http://bioweb.lnu.edu.ua/employee/ostash-b-o</a>
Контактний тел.	032 2394407
E-mail:	<a href="mailto:bohdan.ostash@lnu.edu.ua">bohdan.ostash@lnu.edu.ua</a>
Сторінка курсу на сайті кафедри	<a href="http://bioweb.lnu.edu.ua/course/mol_phylo">http://bioweb.lnu.edu.ua/course/mol_phylo</a>
Консультації	<i>Очні консультації:</i> II семестр (2022 р), щовівторка, 11:30-13:00 <i>Онлайн-консультації:</i> у форматі “питання-відповідь” через електронну пошту, в робочі дні тижня, з 10:00-16:00; очікуйте на мою відповідь не пізніше ніж за три доби з моменту надходження питання

### 1. Коротка анотація до курсу

Вибухоподібне зростання даних про первинну структуру генетичного матеріалу усіх форм життя відкриває нові можливості до виявлення родинних та еволюційних зв'язків між ними. Молекулярна філогенетика – наукова дисципліна, що вивчає такі зв'язки на основі даних про нуклеотидні чи амінокислотні послідовності. Ця навчальна дисципліна охоплює сучасні уявлення та методологічні підходи до реконструкції філогенетичних зв'язків (побудови філогенетичних дерев) між видами чи окремими генами/білками й геномами на основі нуклеотидних чи амінокислотних послідовностей. В основі - сучасні концепції молекулярної еволюції, що пояснюють фізико-хімічну логіку розвитку живої матерії на Землі; методологічні підходи до кількісної оцінки філогенетичних відносин на основі молекулярно-генетичних даних. У першій частині курсу буде розглянуто теоретичні засади філогенії та їхнє застосування на рівні генетичних послідовностей. У другій частині, курсу на основі вибраних прикладів буде розглянуто прикладні аспекти філогенетичної реконструкції у галузях біотехнологій, систематики, охорони природи, епідеміології, медицини та криміналістики.

### 2. Мета та цілі курсу

**Мета:** сформувати у слухачів курсу систему знань про методи молекулярної філогенетики та множину прикладних проблем, до вивчення яких ці методи залучаються

**Цілі:** а) викласти молекулярно-біологічні та еволюційні засади, на яких ґрунтується філогенетичний аналіз; б) пояснити, чим керуються дослідники при виборі даних для філогенетичного аналізу; в) пояснити основні особливості функціонування та застосування різних алгоритмів філогенетичної реконструкції; г) окреслити напрями практичного використання філогенетичного аналізу.

### 3. Формат курсу – очний / заочний

### 4. Очікувані результати навчання

Після курсу аспірант буде: а) знати сутність і відмінності різних алгоритмів філогенетичної реконструкції; б) знати зміст, що його несуть різні елементи філогенетичного дерева; в) розуміти значення і цінність філогенетичної реконструкції у таких галузях як ідентифікація видів, епідеміологія, криміналістика, біотехнологія; г) вміти створювати, відбирати і курувати масиви даних для філогенетичного аналізу; д) вміти створювати філогенетичні дерева на основі різних масивів даних за допомогою різних програмних знарядь та веб-сервісів.

## 5. Обсяг курсу

Вид заняття	Загальна к-сть годин, денна форма	Загальна к-сть годин, заочна форма
лекції	32	12
практичні	16	6
самостійна робота	42	72

## 6. Ознаки курсу:

Рік викладання	Се-местр	Спеці-альність	Курс (рік навчання)	Нормативний\ вибірковий
2021	2	аспіранти, біологія	2	Вибірковий

7. **Пререквізити.** Знання англійської мови на рівні, достатньому для перекладу наукових статей; прослухання загальних (бакалаврських чи магістерських) курсів генетики, біохімії, зоології та ботаніки. Розуміння базових математичних понять та теорії імовірностей та статистичного аналізу даних. Базові навички роботи з комп'ютером.
8. **Технічне й програмне забезпечення /обладнання.** Для кількох лекційних занять необхідно буде принаймні по одному ноутбуку на двох аспірантів для ознайомлення з наявними базами даних генетичних послідовностей та філогенетичних програм (за рахунок підключення до відкритої WiFi мережі Університету).
9. **Політики курсу.** Відвідування лекційної частини курсу вільне. Матеріали лекційного курсу (PowerPoint-презентації) буде надано електронною поштою усім аспірантам. Усі статті і матеріали, або гіперпосилання до них, що згадано нижче у схемі курсу (п. 10) – буде надано. Перша частина курсу (принципи та методи філогенетичної реконструкції) закінчується письмовим модулем. Написання модуля у визначений час обов'язкове, відсутність можлива лише за умови поважної причини, що має бути задокументовано (довідка про хворобу тощо). Протягом семестру, у межах часу, відведеного на практичну роботу, всі виконують завдання, що буде надано наприкінці лекцій і дослідницький мікропроект з філогенетичної реконструкції на основі певного масиву нуклеотидних чи амінокислотних послідовностей, який отримає оцінку. Більше про систему оцінювання – див. нижче розділ 11. Очікується, що аспіранти дотримуватимуться правил Академічної доброчесності – див. [http://www.lnu.edu.ua/wp-content/uploads/2019/06/reg\\_academic\\_virtue.pdf](http://www.lnu.edu.ua/wp-content/uploads/2019/06/reg_academic_virtue.pdf). Нульова толерантність (у вигляді недопуску до заліку) до плагіату, списування, хабарництва. Зниження оцінки при виявленні фактів несамостійного підготовки завдань до практичних занять (нерозуміння підготовленої

презентації, механічне використання перекладів, згенерованих автоматичними перекладачами тексту).

## 10. Схема курсу

**Лекція 1 (2 год).** Вступ, Знайомство з групою, з'ясування наукових інтересів групи. Структура, політика, оцінювання курсу. Чого навчиться студент під час цього курсу. Що таке філогенетика. Що спонукало розвиток молекулярної філогенетики? Припущення про спільний корінь всього живого. Поділ клітини, генеалогії. Видоутворення, філогенії. Що таке вид? – з точки зору тварини, рослини, бактерії. Механізми макро- та мікроеволюції. Природний добір і генетичний дрейф. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture1.pdf](#). *Література*: [1], розділ 7 (див. список наприкінці схеми курсу).

**Самостійна робота 1 (5 год).** Ознайомлення з життям і науковим доробком українсько-американського вченого-генетика Теодозія Добжанського – <https://www.youtube.com/watch?v=TH2AC8fu34M>. Сумісність біблійного та еволюційного вчень – погляд Т. Добжанського [https://www.pbs.org/wgbh/evolution/library/10/2/text\\_pop/1\\_102\\_01.html](https://www.pbs.org/wgbh/evolution/library/10/2/text_pop/1_102_01.html)

**Лекція 2 (2 год).** Філогенія – засадничі поняття. Визначення і моделі. Елементи дерева: нода (край, вузол), гілка (вісь), корінь, монофілетична група, парафілія, кінцеві таксони (листки дерева). Ієрархічність клад. Укорінення дерева. Морфологічні та фізіологічні ознаки як матеріал для філогенії. Синапоморфізми, аутаморфізми, плезіоморфізми. Дендрограма, кладограма (топологічне дерево), філограма (метричне дерево). Масштаб дерева. Політомія. Яку інформацію містить і яку не містить філогенетичне дерево. Чи відображає філогенетичне дерево прогресивну еволюцію? Ротація клад. Призначення завдань для виконання мікропроектів. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture2.pdf](#). *Література*: [1], розділ 7; [3].

**Лекція 3 (2 год).** Підходи до філогенії: від кістки до гена. Геном як “молекулярний налімісест”. Що таке ознака у філогенетиці. Оптимальні властивості ознаки. Стан ознаки, її філогенетичний сигнал. В чому переваги молекулярних маркерів над морфологічними чи фізіологічними? Один ген – одна ознака чи низка ознак? Дерево видів → дерево генів. Поняття гомології. Умови філогенії: однакова швидкість, єдиний і незмінний механізм змін, незалежність змін у різних частинах генів/білків. Концепція “молекулярного годинника”. Тест Таджими для підтвердження чи спростування “молекулярного годинника” для пари послідовностей (у пакеті MEGA X). Виклики, що постають перед реконструкцією філогенії на основі молекулярних маркерів: різна еволюційна швидкість (для різних геномів, генів і частин гена), горизонтальне перенесення генів, конвергентна та паралельна еволюція. Гомоплазія. П'ять етапів філогенетичної реконструкції: збір даних, множинне вирівнювання, вибір моделі еволюції, реконструкція дерева, оцінення дерева. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture3.pdf](#). *Література*: [1], розділ 7; [3].

**Самостійна робота 2 (5 год).** Як еволюція і філогенетика стосується мого повсякденного життя? – кожен зі студентів групи має вибрати і прочитати по одній статті зі списку, що є на веб-ресурсі університету Берклі:

[https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/search/topics.php?topic\\_id=15](https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/search/topics.php?topic_id=15). Будьте готові до трихвилинного виступу, що підеумовує прочитану статтю, і пояснити, яка роль філогенетики у розглянутому матеріалі.

**Практична робота 1** (2 год). Ознайомлення з масивом даних чи створення масиву даних для виконання мікропроєкту – модель NCBI, GenBank, Genome, PATRIC.

**Лекція 4** (2 год). Масив даних для філогенетичної реконструкції. Отримання нуклеотидних послідовностей: секвенування цілих геномів. Копіювання окремих ділянок генома для секвенування – стисло про метод ПЛР і підбір консервативних праймерів. Отримання інформації з баз даних: GenBank, ENA, Patric, BioСус. Для білок-кодувальних генів – що аналізуємо: послідовність нуклеотидів, кодонів чи амінокислот? Збільшення філогенетичного сигналу – конкатеновані послідовності. Чи більше маркерів – краще? Поняття ортології та паралогії. Чим керуватися при виборі генів/білків для філогенетичної реконструкції? Вплив філогенетичної відстані (мілко – ДНК, глибоко – білки). Випадок №1: класифікація невідомої бактерії. Випадок №2: хітинази. Випадок №3: класифікація тритонів. Випадок №4: визначення, чи свіжовиділений ізолят роду *Streptomyces* належить до нового виду. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture4.pdf](#). *Література*: [1], розділ 7; [3].

**Самостійна робота 3** (5 год). Ознайомлення з функціональними можливостями програми MEGA X. Знайомство з базами даних GenBank, Patric з метою пошуку послідовностей, що необхідні для виконання мікропроєкту.

**Лекція 5** (2 год). Філогенетична реконструкція на основі гена 16S рРНК. Структура 16S рРНК: консервативні та варіабельні ділянки. Стратегії підбору праймерів. Філогенетичне дерево життя на основі 16S рРНК. Бази: RDP, Greengenes, SILVA, Gold. Універсальні 16S/18S праймери (див. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0090053>). Недоліки гена 16S рРНК як філогенетичного маркера: мікрогетерогенність набору генів 16S рРНК у межах генома; занадто слабкий філогенетичний сигнал, аби розрізнити види (див. т-ж <https://www.drive5.com/usearch/manual/citation.html>); недосконалість баз даних. Вилки, що постають при аналізі метагеномної ДНК. Операційні таксономічні одиниці (OTU: operating taxonomy units);  $\alpha$ - і  $\beta$ -різноманітність метагеномних зразків. ПЛР-химери. Перехресне картування секвенованих ділянок висококонсервативних генів при аналізі метагеномних зразків (crosstalk). Програма UNOISE2. Філогенетичні маркери для реконструкції філогенії еукаріотів: 18S рРНК, ISSR (inter-simple sequence repeats), RAPD (randomly amplified polymorphic DNA), ITS (internal transcribed sequences). Ідентифікація маркерів для близькоспоріднених видів – на прикладі групи *Bacillus pumilus*. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture5.pdf](#). *Література*: [1], розділ 9.

**Практична робота 2** (2 год). Стратегії пошуку нуклеотидних і амінокислотних послідовностей на сайті NCBI.

**Лекція 6** (2 год). Множинне вирівнювання. Що таке вирівнювання? Попарне вирівнювання – збіги, незбіги, рахунок вирівнювання, штрафи за прогалини. Підходи до

кількісного оцінювання попарних вирівнювань: нуклеотидні моделі, матриці PAM і BLOSUM для білків, Статистичне оцінення попарних вирівнювань, Знаряддя попарного вирівнювання – Fasta, BLAST. Множинне вирівнювання, чим відрізняється від попарного. Знаряддя для множинних вирівнювань на сайті <https://toolkit.tuebingen.mpg.de/>. Чому важливо використовувати різні програми множинного вирівнювання – на основі аналізу результатів вирівнювання за допомогою програм T-COFFEE та MUSCLE. Курування вирівняного масиву даних. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture6.pdf](#). *Література*: [1], розділи 3, 4, 6.

**Самостійна робота 4** (5 год). Ознайомлення з документацією програми попарного вирівнювання BLAST на сайті NCBI - [https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE\\_TYPE=BlastDocs](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastDocs). У першу чергу ознайомтеся зі структурою сторінки запиту ([ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/factsheets/HowTo\\_BLASTGuide.pdf](ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/factsheets/HowTo_BLASTGuide.pdf)) і теорією статистичного оцінення результатів (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/tutorial/Altschul-1.html>)

**Практична робота 3** (2 год). Завантаження програми MEGA X. Ознайомлення з можливостями пакету MEGA X щодо оцінки явища молекулярного годинника та моделі еволюції на основі зібраного аспірантом масиву даних. Форматування даних в MEGA X.

**Лекція 7** (2 год). Моделі заміщень нуклеотидних й амінокислотних залишків. Еволюційні моделі у філогенетиці і чому вони потрібні – на прикладі моделей Джакса-Кентора і K2P для нуклеотидних послідовностей. Моделі амінокислотних заміщень – LG, WAG, JTT. Гамма-розподіл для моделювання різних швидкостей заміщення у різних сайтах гена/білка. Знаряддя для вибору оптимальної моделі заміщення – вебсервер IQ Tree (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>), функція ProtTest в MEGA X. Критерії відбору – інформаційний критерій Акаїке (AIC), інформаційний критерій Байєса (BIC). Як вибір моделі впливає на остаточний результат? *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture7.pdf](#). *Література*: [1], розділ 7.

**Самостійна робота 5** (5 год). Ознайомитися зі статтею про моделі еволюції нуклеотидних і амінокислотних заміщень: <https://genome.cshlp.org/content/8/12/1233.long>

**Лекція 8** (4 год). Алгоритми філогенетичної реконструкції. Дистанційні і позиційні методи – визначення і відмінності. Дистанційні методи – UPGMA та NJ. Алгоритмічні особливості методу UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic means). Усереднення відстаней та оцінка достовірності дерева. Алгоритм Фітча-Марголіяша (FM) – удосконалення UPGMA. Укорінення дерева в методах UPGMA та FM. Недоліки розглянутих вище алгоритмів. Ультраметричне дерево. Притягування довгих гілок. Алгоритм Neighbor Joining (NJ). Адитивність і неадитивність філогенетичних відстаней. Умова чотирьох точок. Переваги NJ над UPGMA. *Матеріали* – презентація лекції [amp\\_lecture8.pdf](#). *Література*: [1], розділ 9; [2], розділ 5.

**Практична робота 4** (2 год). Побудова множинних вирівнювань на створеному чи наданому викладачем масиві даних, з використанням онлайн-знарядь (Muscle, T-COFFEE) та програм у пакеті MEGA X. Порівняння результатів вирівнювань. Збереження результатів множинного вирівнювання.

**Лекція 9 (4 год).** Позиційні методи філогенетичної реконструкції – максимальної ошадності. Принцип методу – відсутність еволюційних моделей, мутації рідкісні, найвірогідніший еволюційний шлях – той, що вимагає мінімум мутацій. Метод максимальної вірогідності (ML: maximum likelihood). Принцип методу – обчислення вірогідності того, що за обраної еволюційної моделі певне дерево приведе до заданої нуклеотидної/амінокислотної послідовності. Недоліки ML. Метод байсової реконструкції. Симуляція Монте-карло. Концепція простору дерев і евристичні підходи до його аналізу. Матеріали – презентація лекції amp\_lecture9.pdf. Література: [1], розділ 9; [2], розділ 5.

**Самостійна робота 6 (5 год).** Робота у програмному середовищі MEGA X. Філогенетична реконструкція на основі множинно вирівняних масивів даних, отриманих у межах попередньої самостійної роботи. Вплив вибору моделі еволюції та алгоритму реконструкції на топологію дерева – метод UPGMA.

**Практична робота 5 (2 год).** Реконструкція філогенетичного дерева дистанційними методами на основі заданого масиву даних.

**Лекція 10 (2 год).** Оцінка надійності філогенетичного дерева. Відтворення філогенії різними методами. Конгруентність дерев. Бутстреп-аналіз. Індекс aLRT (approximate Likelihood Ratio Test). Індекс CI. Формати збереження даних філогенетичної реконструкції. Формат Newick. Графічний рендеринг дерева – можливості phylogeny.fr. Програма FigTree. Колапсування клад. Матеріали – презентація лекції amp\_lecture10.pdf. Література: [1], розділ 9; [3].

**Самостійна робота 7 (7 год).** Робота у програмному середовищі MEGA X. Філогенетична реконструкція на основі множинно-вирівняних масивів даних, отриманих у межах попередньої самостійної роботи. Вплив вибору моделі еволюції та алгоритму реконструкції на топологію дерева – метод NJ.

**Практична робота 6 (4 год).** Побудова філогенетичних дерев на сервісі phylogeny.fr на основі заданих масиву послідовностей і умов реконструкції.

**Модульний контроль** – за матеріалом перших 10 лекцій і 6 практичних занять.

**Лекція 11 (2 год).** Спеціалізовані філогенетичні сервіси. iTOL – interactive Tree of Life: <https://itol.embl.de/>. Включення метаданих. Датування часу дивергенції таксонів – TimeTree <http://www.timetree.org/>. Phylogeny.fr. Матеріали – презентація лекції amp\_lecture11.pdf. Література: [1], розділ 9.

**Самостійна робота 8 (5 год).** Робота з базами даних SILVA і Greengenes. Порівняння схем класифікації бактерій роду *Micrococcus* у двох базах. Графічний рендеринг філогенетичних дерев – FigTree, iTOL. Операційні середовища для роботи з великими масивами даних – Galaxy, Cyverse.

**Лекція 12 (2 год).** Мультилокусна філогенія (MLSA). Вимоги до маркерів. Базовий варіант – 16S, *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB*. Консервативні праймери. Протокол MLSA.

Визначення рівня гомології ДНК на основі попарних відстаней між конкатенованими послідовностями (робота: DOI 10.1007/s10482-014-0348-4). Більше маркерів – PhyloPhlan. Ще більше маркерів – <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13443-4>. Опис вибору маркерів для високо спорідненої групи *Bacillus pumilus* - doi:10.1371/journal.pone.0163098. Вибір маркерів для стрептоміцетів: робота Gupta et al. *Матеріали* – презентація лекції amp\_lecture12.pdf. *Література*: [1], розділ 9.

**Практична робота 7** (2 год). Презентація результатів виконання мікропросктів.

**Лекція 13** (2 год). Філогенія у межах одного виду/популяції – концептуальні відмінності від філогенії видів. Коалесцентна теорія. Фіксовані мутації між видами і поліморфізм у межах виду. Філогенетична реконструкція у вірусних популяціях, на прикладі вірусу імунодефіциту людини (HIV). Особливості біології HIV. Маркерні гени HIV. Філогенетична реконструкція HIV – глобальний рівень, між популяціями, у межах популяції, в одній особі. Про що свідчить топологія і довжина гілок дерева HIV? Практичне застосування філогенії HIV *Матеріали* – презентація лекції amp\_lecture13.pdf. *Література*: [1], розділ 9.

**Лекція 14** (2 год). Філогенетична реконструкція в епідеміологічних дослідженнях – на прикладі спалаху *Burkholderia dolosa* в хворих на муковісцидоз. Відстеження епідемії SARS. Філогенетична реконструкція в природоохоронних дослідженнях – виявлення походження китового м'яса на ринках Східної Азії. Криміналістична філогенетика. Реконструкція предкових послідовностей. біотехнологічне значення цього підходу. *Матеріали* – презентація лекції amp\_lecture14.pdf. *Література*: [1], розділ 9.

## Література

### Основна

1. Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics. 3<sup>rd</sup> edition. Wiley Blackwell, London. – 2015- 1116 p. ISBN 978-1-118-58178-0.
2. Allman E.S., Rhodes J.A. Mathematical models in biology. An introduction. Cambridge University Press, Cambridge, 2004. 386 p. ISBN 978-0-511-07689-3. eBook.
3. Barton NH, Briggs DEG, Eisen JA, Goldstein DB, Patel NH. Chapter 26. Phylogenetic reconstruction. In: Evolution. CSHL Press, 2007, 833 p.
4. Yang Z. Computational Molecular Evolution. Oxford University Press, 2006. 374 p.
5. Онлайн-ресурс [https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/0\\_0\\_0/evotrees\\_intro](https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/0_0_0/evotrees_intro)

### Додаткова

1. <https://nextstrain.org/sars-cov-2>
2. Kapli P, Yang Z, Telford MJ. Phylogenetic tree building in the genomic age. Nat Rev Genet. 2020 Jul;21(7):428-444. doi: 10.1038/s41576-020-0233-0.
3. Nascimento FF, Reis MD, Yang Z. A biologist's guide to Bayesian phylogenetic analysis. Nat Ecol Evol. 2017 Oct;1(10):1446-1454. doi: 10.1038/s41559-017-0280-x.

## 11. Система оцінювання та вимоги

Загальна система оцінювання курсу	участь в роботі впродовж семестру/залік - 50/50
Вимоги до письмової роботи (модуль)	За змістом перших десяти лекцій буде виконано поточний контроль знань у вигляді написання модуля. В модуль входять: визначення термінів (10 балів), два питання (по 6 б. кожне), одна схема чи таблиця, яку треба заповнити/зобразити (8 б.). Максимальна оцінка за модуль – 30 балів. Написання модуля обов'язкове.
Практичні заняття	Ще 20 балів студент може набрати упродовж семестру за виконання мікропроєкту. У 20 балів входять: створення масиву даних (5 балів), множинне вирівнювання і курування даних (5 балів), філогенетична реконструкція різними алгоритмами (5 балів) і оцінка надійності дерева (5 балів).
Умови допуску до підсумкового контролю	Написання модуля і виконання мікропроєкту (останній надсилає на пошту у вигляді PowerPoint-презентації (конвертованої в .pdf), що включає усі етапи виконання роботи, з необхідними поясненнями).
Іспит	Екзаменаційний білет. Визначення термінів (10 балів), три описові питання (3 по 10 б. кожне), одна задача (10 балів) на основі наданого наданого філогенетичного дерева. Максимальна оцінка за іспит – 50 балів. Письмова підготовка на протязі не більше 30 хв, далі усна відповідь. На іспит виноситься весь матеріал курсу

## 12. Навчальні методи та техніки

Лекції, Power-Point-презентації, дискусії, розгляд кейсів, проєктно-орієнтоване навчання.

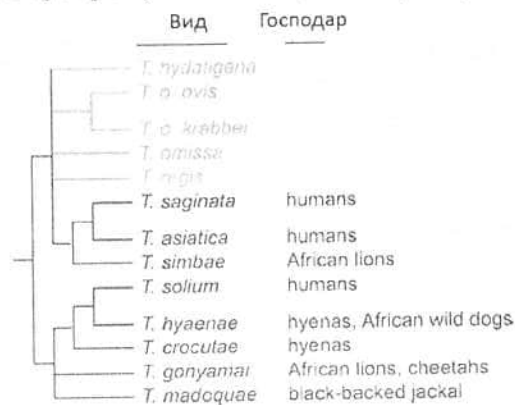
## 13. Питання до іспиту

1. Концепція філогенії
2. Основні елементи філогенетичного дерева
3. Гомологія і асоційовані терміни
4. Принципи побудови філогенетичного дерева; (син)апоморфізми та плезіоморфізми
5. Клада, нода, корінь філогенетичного дерева. Способи укорінення дерева
6. Дані для філогенетичної реконструкції: ген чи білок? Філогенетичний сигнал
7. Філогенетичні маркери
8. Популяційні та молекулярно-біологічні засади філогенії
9. Моделі молекулярної еволюції
10. Моделі еволюції нуклеотидних послідовностей
11. Моделі еволюції амінокислотних послідовностей
12. Алгоритми філогенетичної реконструкції – NJ. Теорема Неї.
13. Алгоритми філогенетичної реконструкції – MP
14. Алгоритми філогенетичної реконструкції – ML
15. Алгоритми філогенетичної реконструкції – байєсові підходи
16. Простір пошуку дерев і евристичні підходи до його спрощення
17. Статистична оцінка надійності топології дерев

18. Графічний рендеринг дерев. Формат NEWICK.
19. Теорія коалесцентних дерев.
20. Еволюція і філогенія у вірусних системах. HIV.
21. Зразок графічної задачі

Внизу показано дерево стьожкових черв'яків; праворуч від дерева вказано їхніх господарів (humans=людина).

Обведіть клади, що містять людину як господаря. Це дерево – метричне чи топологічне? Чи має дерево корінь? – вкажіть на нього. Які види були резервуаром стьожкових черв'яків перед тим, як вони набули здатність паразитувати в людині? Чи був перехід до паразитизму в людині одноразовою подією в еволюції цього роду черв'яків? Чи можна це дерево назвати бінарним в суворому значенні цього терміну?



#### 14. Опитування

Анкету-опитування буде надано по завершенню курсу

Автор



Богдан Осташ

"Погоджено"

Голова методичної ради  
біологічного факультету

Віталій Гончаренко

" 10 " 02. 2021 р.

Гарант ОНП



Андрій Бабський

" 10 " 02. 2021 р.