

Міністерство освіти і науки України

Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна

Кафедра зоології та екології тварин

“ЗАТВЕРДЖУЮ”

Перший проректор

“ _____ ” _____ 20__ р.

Програма навчальної дисципліни

Молекулярна філогенетика і філогеографія

(назва навчальної дисципліни)

спеціальність 091 Біологія
(шифр, назва спеціальності)

Спеціалізація _____
(шифр, назва спеціалізації)

факультет біологічний

2016 / 2017 навчальний рік

Молекулярна філогенетика і філогеографія. Робоча програма навчальної дисципліни для здобувачі за спеціальністю *біологія*, спеціалізація – *зоологія*.

Розробники:

Утєвський Сергій Юрійович – доктор біологічних наук, доцент, професор кафедри зоології та екології тварин Харківського національного університету імені В.Н.Каразіна.

Робоча програма затверджена методичною комісією біологічного факультету.

Протокол № 6 від 7 квітня 2016 р.

В.о. декана _____ (В.В. Мартиненко)
(підпис)

« _____ » _____ 2016 р.

1. Опис навчальної дисципліни

Найменування показників	Галузь знань, напрям підготовки, освітньо-кваліфікаційний рівень	Характеристика навчальної дисципліни	
		денна форма навчання	заочна форма навчання
Кількість кредитів – 5	Спеціальність 091 – «Біологія»	За вибором здобувача	
Загальна кількість годин – 150 (30 аудиторних)		Рік підготовки:	
		2-й	2-й
		Семестр:	
		4-й	4-й
Тижневих годин для денної форми навчання аудиторних – 2 самостійної роботи здобувача – 8	Освітньо-науковий рівень: доктор філософії	Лекції	
		30 годин	6 годин
		Самостійна робота	
		120 годин	144 годин
		Вид контролю: екзамен	

2. Мета та завдання навчальної дисципліни

Мета. Навчальної дисципліни створює комплексне уявлення про теорію та методи молекулярної філогенетики та філогеографії.

Завдання:

1) ознайомлення з сучасними концепціями молекулярної філогенетики та філогеографії; 2) вивчення особливостей різних методів і підходів молекулярної філогенетики та філогеографії; 3) формування практичних навичок використання комп'ютерних програм, що застосовуються в філогенетиці та філогеографії.

У результаті вивчення даного курсу здобувач повинен

знати:

- теоретичні засади молекулярної філогенетики та філогеографії;
- фактори і механізми молекулярної еволюції;
- молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі;
- сучасні концепції виду.

вміти:

- 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.

3. Програма навчальної дисципліни

1. Філогенетика як наука. Історія розвитку філогенетики і філогеографії. Структура та принципи наукового методу. Есенціалізм, номіналізм, еволюціонізм і номотетична теорія як теорії систематики. Головні методологічні підходи в систематиці та філогенетиці. Еволюційна систематика. Фенетика (нумерична таксономія). Кладистика (філогенетична систематика). Принцип економії (парсимонії) та гіпотези *ad hoc*. Статистичний підхід до аналізу філогенії. Постановня філогеографії.

2. Фактори і механізми молекулярної еволюції. Фактори, що впливають на генетичний склад популяції та його генетичне різноманіття: дрейф генів, ефект пляшкової шийки, мутації, міграції, особливості розмноження, природний добір. Обчислення генетичного різноманіття всередині популяції та виявлення відмінностей між популяціями.

3. Складання матриці таксонів та ознак, вирівнювання. Визначення полярності ознак. Гомологія і аналогія. Синапоморфія, аутапоморфія та плезіоморфія. Гомологія і гомоплазія. Конфлікт ознак і парсимонія. Монофілетичні, поліфілетичні та парафілетичні групи. Патерн-кладистика. Типи ознак. Бінарні ознаки. Ознаки з багатьма станами. Трансформації станів ознак. Упорядковані та неупорядковані ознаки. Адитивне бінарне кодування. Деревя станів ознак. Полярність ознак. Вирівнювання нуклеотидних послідовностей за допомогою програм ClustalX і MAFFT. Визначення полярності ознак за допомогою позагрупового порівняння. Прямий метод визначення полярності ознак за допомогою онтогенетичного критерію. Неспроможні засоби визначення полярності ознак.

4. Методи кількісної кладистики і пошуку оптимального дерева. Безкореневі та кореневі кладограми. Статистика відповідності дерева та даних: індекс консистентності, залишковий індекс. Оптимізація – способи врахування різних моделей еволюційних змін. Пошук оптимального дерева. Точні методи. Евристичні методи: покрокове додавання і обмін гілок. Методи бутстреп та джек-найф. Методи побудови консенсусних дерев. Використання програми RAUP для побудови філогенетичних дерев за критерієм оптимальності – парсимонія.

5. Альтернативи парсимонії: максимальна правдоподібність, Байєсів аналіз, дистантні методи. Аналіз філогенії як статистична проблема. Максимальна правдоподібність. Правдоподібність філогенетичної гіпотези та її імовірність. Підрахунок правдоподібності філогенетичного дерева. Моделі субституції нуклеотидів. Використання програми RAUP для побудови філогенетичних дерев за критерієм оптимальності – максимальна правдоподібність. Поняття про апріорні та апостеріорні імовірності. Байєсова статистика. Застосування теореми Байєса для підрахунку апостеріорної імовірності філогенетичного дерева. Пошук дерева з максимальною

апостеріорною імовірністю. Застосування програми MrBayes для побудови філогенетичних дерев. Поняття про генетичну відстань. Невиправлена і виправлена генетична відстань, моделі субституції нуклеотидів. Підрахунок генетичних відстаней за допомогою програми Mega7. Кластерний аналіз (UPGMA). Мінімальна еволюція. Метод об'єднання сусідів (NJ). Використання програм RAUP і Mega7 для побудови дистантних дерев.

6. Молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі. Полімеразна ланцюгова реакція. Реакція сиквенування. Автоматичне сиквенування. Сиквенування наступного покоління. Обробка молекулярних даних, вирівнювання, програми, що використовуються для вирівнювання нуклеотидних послідовностей. Використання програм RAUP і MrBayes для філогенетичного аналізу. Основні команди програми RAUP і MrBayes. Пошук оптимальної моделі субституції за допомогою програми KAKUSAN4. Виконання індивідуальних завдань. Використання програми FigTree для обробки отриманих філогенетичних дерев.

7. Теоретичні засади і методологія філогеографії. Філогеографія – методологія визначення закономірностей географічного поширення індивідуумів і популяцій. Застосування методів філогенетики в філогеографії. Використання мережевих діаграм (нетворків) та їхня інтерпретація. Програма NETWORK. Філогеографія плейстоцену і поняття рефугіуму. Методи історичної демографії, застосування індексів нейтральності і попарного порівняння послідовностей для тестування моделі популяційної експансії. Генетична диференціація популяцій та ізоляція відстанню.

8. Проблема виду. Сучасні уявлення про філогенію організмів. Історія розвитку вчення про вид. Концепції виду, що мають історичне значення: типологічна та номіналістична концепції. Сучасні концепції виду: біологічна, хеннігова, філогенетичні та еволюційна концепції. Революція в систематиці багатоклітинних, еукаріот, бактерій та архей. Поняття про Ecdysozoa і Lophotrochozoa. Походження членистоногих. Філогенетичні зв'язки комах. Філогенія кільчастих червів.

4. Структура навчальної дисципліни

Назва	Денна форма			Заочна форма		
	Усього	у тому числі		усього	у тому числі	
		Лек.	Сам.		Лек.	Сам.
Філогенетика як наука. Історія розвитку філогенетики і філогеографії	6	2	4	6	1	5
Фактори і механізми молекулярної еволюції.	16	2	14	16	1	15

Складання матриці таксонів та ознак, вирівнювання. Визначення полярності ознак	20	4	16	20	1	19
Методи кількісної кладистики і пошуку оптимального дерева.	20	4	16	20	1	19
Альтернативи парсимонії: максимальна правдоподібність, Байєсів аналіз, дистантні методи	26	4	22	26	1	25
Молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі	24	4	20	24	1	23
Теоретичні засади і методологія філогеографії	24	6	18	24	1	23
Проблема виду. Сучасні уявлення про філогенію організмів	14	4	10	14	1	13
Усього годин	150	30	120	150	8	142

Примітка. Лек. – лекції, Сам. – самостійна робота

5. Теми лекційних занять

№	Назва теми	Кількість годин	
		денна форма	заочна форма
1	Філогенетика як наука. Історія розвитку філогенетики і філогеографії	4	5
2	Фактори і механізми молекулярної еволюції.	14	15
3	Складання матриці таксонів та ознак, вирівнювання. Визначення полярності ознак	16	19
4	Методи кількісної кладистики і пошуку оптимального дерева.	16	19
5	Альтернативи парсимонії: максимальна правдоподібність, Байєсів аналіз, дистантні методи	22	25
6	Молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі	20	23
7	Теоретичні засади і методологія філогеографії	18	23
8	Проблема виду. Сучасні уявлення про філогенію організмів	10	13
	Разом	120	142

6. Самостійна робота

№	Назва теми	Кількість годин	
		денна форма	заочна форма
1	Філогенетика як наука. Історія розвитку філогенетики і філогеографії	3	3
2	Фактори і механізми молекулярної еволюції.	7	10
3	Складання матриці таксонів та ознак, вирівнювання. Визначення полярності ознак	12	15
4	Методи кількісної кладистики і пошуку оптимального дерева.	18	20
5	Альтернативи парсимонії: максимальна правдоподібність, Байєсів аналіз, дистантні методи	14	16
6	Молекулярні методи, які використовуються у філогенетичному аналізі	15	18
7	Теоретичні засади і методологія філогеографії	17	18
8	Проблема виду. Сучасні уявлення про філогенію організмів	10	12
Разом		96	112

7. Методи навчання

Лекції. Лекційний матеріал охоплює загальні питання науки. На самостійну роботу виносяться питання, пов'язані з темою дисертаційного дослідження.

Самостійна робота. Самостійна робота націлена на пошук сучасної наукової літератури (особливо в мережі Інтернет), в якій висвітлені результати останніх наукових досліджень з тематики дисертаційного дослідження здобувача.

8. Шкала оцінювання

Сума балів	Оцінка ECTS	Оцінка за національною шкалою	
		для екзамену	для заліку
90 – 100	A	відмінно	зараховано
80-89	B	добре	
70-79	C		
60-69	D	задовільно	

50-59	E		
1-49	FX	Незадовільно	не зараховано

9. Навчально-методичне забезпечення

На початку семестру здобувачі отримують:

1. Робочу програму, що містить перелік тем, список рекомендованої літератури та інформаційних ресурсів, критерії та шкалу оцінювання; контрольні запитання до іспиту.
2. Пакет літератури, що містить основні підручники, навчальні та методичні посібники в електронній формі (формати .pdf та .djvu).

10. Питання до іспиту або заліку

1. Історія виникнення філогенетичної систематики.
2. Полярність ознак.
3. Розкрийте поняття «апоморфія». Яке значення сінапоморфії і аутапоморфії для розробки класифікації?
4. Сутність фенетики.
5. Розкрийте поняття «плезіоморфія (сімплезіоморфія)». Яке значення плезіоморфії для класифікації?
6. Яке співвідношення понять «гомологія», «аналогія» і «гомоплазія»? Чому гомоплазію не завжди вдається встановити порівняльно-анатомічними методами?
7. Метод галуження і обмеження.
8. Сумісні (консистентні), конгруентні та інконгруентні ознаки.
9. Додавання, субституція та делеція. Рішення проблеми педоморфоза.
10. Значення критерію парсимонії. Як прийняття критерію парсимонії впливає на конгруентність ознак?
11. Невпорядковані і впорядковані ознаки.
12. Монофілетичні групи. Чим обґрунтовується монофілія?
13. Типи ознак: дискретні, безперервні (континуальні), бінарні, полімодальні. Кодування ознак.
14. Парафілетичні групи.
15. Адитивне бінарне кодування.
16. Поліфілетичні групи.
17. Сутність еволюційної (еклектичної) систематики.
18. Кладограма і філогенетичне дерево.

19. Позагрупове порівняння.
20. Онтогенетичний критерій.
21. Вичерпний пошук.
22. Евристичні методи: альпіністи і пагорби. Проблема островів дерев.
23. Прихована (underlying) синапоморфія.
24. Покрокове додавання.
25. Критерій функціонального / адаптивного значення ознаки.
26. Обмін гілок.
27. Критерій звичаєвості всередині групи.
28. Стратиграфічний критерій. Пояснення ad hoc.
29. Біогеографічний критерій. Дисперсалізм і вікаріанс.
30. Апостеріорне визначення полярності.
31. Максимальна правдоподібність.
32. Байєсівський аналіз.
33. Дистантні методи.
34. Оцінювання надійності вузлів дерева.
35. Моделі субституції нуклеотидів.
36. Сучасні уявлення про філогенію головних груп організмів.
37. Концепція виду.

11. Рекомендована література

1. Глущенко В.И., Акулов А.Ю., Леонтьев Д.В., Утевский С.Ю. Основы общей систематики. – Харьков, 2004. – 110 с.
2. Корнюшин А.В.. Критический анализ современных представлений о филогении многоклеточных животных // Вестник зоологии. – Т. 38, № 1. – 2004. – С. 3–18.
3. Майр Э.. Принципы зоологической систематики. – М.: Мир, 1971. – 454 с.
4. Павлинов И.Я. Кладистический анализ. – М.: Изд-во Моск. ун-та, 1990. – 158 с.
5. Принципы и методы зоологической систематики. – Л.: АН СССР, Труды Зоологического института, 1989. – Т. 1989. – 233 с.
6. Современная систематика: Методологические аспекты. – М.: Изд-во Моск. ун-та, 1996. – 238 с.
7. Хаубольд Б., Вие Т. Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход. – М. – Ижевск, НИЦ «Регуляторная и

- хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2011. – 456 с.
8. Bitsch C., Bitsch J. Phylogenetic relationships of basal hexapods among the mandibulate arthropods: a cladistic analysis based on comparative morphological characters // *Zoologica Scripta*. – 2004. – Vol. 33. – P. 511–550.
 9. Forey P.L. *et al.* Cladistics: A Practical Course in Systematics. – Oxford: Clarendon Press, 1996. – 191 p.
 10. Hall B.G. Phylogenetic Trees Made Easy: A How-To Manual for Molecular Biologists. – Sunderland: Sinauer Associates, Inc., 2001. – 179 p.
 11. Kitching I.J. *et al.* Cladistics (Second Edition): The Theory and Practice of Parsimony Analysis. – Oxford: University Press, 2000. – 228 p.
 12. Lemey P. *et al.* (Eds). The Phylogenetic Handbook A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. – Cambridge: Cambridge University Press, 2009. – 723 p.
 13. Nei M., Kumar S.. Molecular Evolution and Phylogenetics. – Oxford: University Press, 2000. – 333 p.
 14. Page R.D.M. Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach. – Blackwell Science, 1998. – 346 p.
 15. Schuh R.T. Biological Systematics: Principles and Applications. – Cornell University Press, 2000. – 234 p.
 16. Trontelj P., Utevsky S. Phylogeny and phylogeography of medicinal leeches (genus *Hirudo*): Fast dispersal and shallow genetic structure // *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2012. – Vol. 63. – P. 475-485
 17. Weiss S., Ferrand N. Phylogeography on the South European Refugia. – Dordrecht: Springer, 2007. – 377 p.