

**АВТНОМНАЯ НЕКОММЕРЧЕСКАЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНАЯ
ОРГАНИЗАЦИЯ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«НАУЧНО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»
(АНОО ВО «УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»)**

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Молекулярная эволюция и филогения

Уровень образования:	высшее образование – программа магистратуры
Направление подготовки:	06.04.01 Биология 09.04.03 Прикладная информатика
Направленность (профиль):	Биоинформатика

1. Общая характеристика дисциплины

1.1. Цель дисциплины: курс посвящен основным понятиям и концепциям молекулярной эволюции и филогенетики. Рассматриваются основные типы алгоритмов построения и анализа филогенетических деревьев - метод максимальной парсимонии, методы расстояний, метод максимального правдоподобия и байесовские методы.

1.2. Задачи дисциплины: студенты получают навыки обработки реальных данных, проведения филогенетического анализа, построения деревьев и интерпретации полученных результатов

1.3. Общая трудоемкость дисциплины: 4 з.е.

1.4. Планируемые результаты обучения по дисциплине:

Формируемые компетенции (код компетенции, формулировка)	Планируемые результаты обучения по дисциплине (индикаторы достижения компетенций)
ПК-1. Способен применять фундаментальные математические и естественнонаучные знания для решения профессиональных задач в области биоинформатики, биоинженерии, биотехнологии и фарминдустрии	ИПК-1.1. Знает фундаментальные основы математики, биологии и других естественных наук
	ИПК-1.2. Применяет фундаментальные знания математики, биологии и других естественных наук для постановки и решения исследовательских и практических задач
	ИПК-1.3. Анализирует современные проблемы в области биоинформатики, биоинженерии, биотехнологии и фарминдустрии, формулирует гипотезы и вырабатывает подходы для решения исследовательских и практических задач
ПК-4. Способен комбинировать и адаптировать информационно-коммуникационные технологии для решения профессиональных задач в области биоинформатики, биоинженерии, биотехнологии и фарминдустрии с учетом требований информационной безопасности	ИПК-4.1. Знает базовые понятия информатики, информации, ее измерения, кодирования и представления в вычислительных системах, а также принципы сбора, хранения и обработки информации
	ИПК-4.2. Использует информационно-коммуникационные технологии для решения профессиональных задач в области биоинформатики, биоинженерии, биотехнологии и фарминдустрии
	ИПК-4.3. Комбинирует и адаптирует информационно-коммуникационные технологии с учетом требований информационной безопасности

2. Структура и содержание дисциплины

2.1. Объем дисциплины и виды учебной деятельности:

Виды учебной деятельности	3 семестр	Всего
Контактная работа обучающихся с преподавателем, всего ч.	40	40
Лекционные занятия, ч.	36	36
Практические (семинарские) занятия, ч.	x	x
Лабораторные занятия, ч.	x	x

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Молекулярная эволюция и филогения»	Лист 3 Листов 7
----------------------------------	--	--------------------

Промежуточная аттестация – экзамен, ч	4	4
Промежуточная аттестация – зачет с оценкой, ч	х	х
Промежуточная аттестация – зачет, ч	х	х
Самостоятельная работа обучающихся, всего ч.	104	104
Общая трудоемкость, ч.	144	144
Общая трудоемкость, з.е.	4	4

2.2. Структура дисциплины по разделам (темам) и видам учебной деятельности:

Наименования разделов (тем) дисциплины	Лекционные занятия, ч	Практические (семинарские) занятия, ч	Лабораторные занятия, ч	Промежуточная аттестация, ч	Самостоятельная работа, ч	Всего, ч	Форма текущего контроля / промежуточной аттестации
Раздел 1. Основная терминология и принципы молекулярной филогенетики	6				16	22	письменное домашнее задание
Раздел 2. Метод максимальной парсимонии	6				16	22	письменное домашнее задание
Раздел 3. Методы расстояний	6				18	24	письменное домашнее задание
Раздел 4. Модели нуклеотидных замен	6				18	24	письменное домашнее задание
Раздел 5. Метод максимального правдоподобия	6				18	24	письменное домашнее задание
Раздел 6. Байесовские методы	6				18	24	письменное домашнее задание
Промежуточная аттестация				4		4	экзамен
Итого	36	х	х	4	104	144	

2.3. Самостоятельная работа:

Самостоятельная работа по дисциплине предусматривает: самостоятельное изучение теоретического материала, подготовку к ответам на семинарских заданиях, подготовку к текущему контролю и промежуточной аттестации, выполнение тестовых заданий по пройденным темам курса.

3. Текущий контроль и промежуточная аттестация по дисциплине. Оценочные материалы

3.1. Текущий контроль успеваемости по дисциплине «Молекулярная эволюция и филогения» проводится в течение семестра в следующих формах:

Наименования разделов (тем) дисциплины	Форма текущего контроля	Оценочные материалы
Раздел 1. Основная терминология и принципы молекулярной филогенетики	Устный опрос, тестирование	перечень домашних заданий
Раздел 2. Метод максимальной парсимонии	Устный опрос, тестирование	перечень домашних заданий
Раздел 3. Методы расстояний	Устный опрос, тестирование	перечень домашних заданий
Раздел 4. Модели нуклеотидных замен	Устный опрос, тестирование	перечень домашних заданий
Раздел 5. Метод максимального правдоподобия	Устный опрос, тестирование	перечень домашних заданий
Раздел 6. Байесовские методы	Устный опрос, тестирование	перечень домашних заданий

3.2. Оценочные материалы для текущего контроля:

Примерный перечень тем групповых и индивидуальных проектов:

1. Является ли переход к подземному образу жизни у грызунов гомологичным признаком, или он происходит независимо в разных группах?

2. Каково положение *Latimeria*, "живой ископаемой" рыбы, на древе жизни? Ближе ли она к обычным рыбам или к тетраподам (амфибиям, рептилиям и млекопитающим)?

3. Изучение линий вируса Эбола во время вспышки 2014 года.

4. Эволюция опсинов и цветового зрения у летучих мышей. Образуют ли пещерные летучие мыши монофилетическую кладу и есть ли у них общие мутации в гене опсина, которые позволяют им адаптироваться к темноте?

5. Проверьте взаимоотношения между дюгонями и ламантинами, а также их место среди водных млекопитающих.

6. Определение новых видов дрожжей.

Критерии оценки для устного опроса

Критерий	Зачтено	Не зачтено
Процент правильных ответов	Успешно/в целом успешно применяет инновационные инструменты и методы при определении путей решения профессиональных задач.	Не применяет/не в полной мере применяет инновационные инструменты и методы при определении путей решения профессиональных задач.

3.3. Формой промежуточной аттестации по дисциплине «Молекулярная эволюция и филогения» является экзамен.

Результаты промежуточной аттестации оцениваются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» и «неудовлетворительно».

Оценка «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означает успешное прохождение промежуточной аттестации по дисциплине.

3.4. Оценочные материалы для промежуточной аттестации

Перечень вопросов для подготовки к экзамену:

1. Определите понятия "гомология", "аналогия", "ортология" и "паралогия". Почему важно различать их при построении филогенетических деревьев? Приведите примеры.
2. Что такое "молекулярные часы"? На каких предположениях основан метод молекулярных часов? Какие факторы могут влиять на скорость молекулярных часов?
3. Объясните концепции "корня" и "полярности" филогенетического дерева. Как определяется корень дерева и почему это важно?
4. Опишите, что такое "монофилетическая группа" (клада), "парафилетическая группа" и "полифилетическая группа". Почему монофилия является предпочтительным критерием для таксономической классификации?
5. Что такое "бутстрэп-анализ" и для чего он используется в филогенетике? Как интерпретировать значения бутстрэп-поддержки?
6. Объясните принцип метода максимальной парсимонии. Как этот метод определяет "наиболее экономное" дерево?
7. Какие проблемы возникают при использовании метода максимальной парсимонии с большим количеством данных или с данными, содержащими много гомоплазии?
8. Опишите, как метод максимальной парсимонии обрабатывает множественные замены в одной позиции последовательности.
9. В каких ситуациях метод максимальной парсимонии может быть предпочтительнее других методов филогенетического анализа?
10. Какие существуют методы для ускорения поиска наиболее парсимоничного дерева?
11. Объясните, как методы расстояний используются для построения филогенетических деревьев. Какие типы расстояний используются в филогенетике (например, p-distance, Kimura 2-parameter distance)?
12. Опишите алгоритм UPGMA и алгоритм Neighbor-Joining. В чем их различия и когда какой алгоритм предпочтительнее использовать?
13. Какие допущения делает метод UPGMA? В каких случаях эти допущения могут быть нарушены, приводя к неверным результатам?
14. Какие преимущества и недостатки имеют методы расстояний по сравнению с другими методами филогенетического анализа?

15. Почему необходимо использовать модели нуклеотидных замен при филогенетическом анализе? Объясните принцип работы моделей нуклеотидных замен.
16. Опишите несколько распространенных моделей нуклеотидных замен (например, Jukes-Cantor, Kimura 2-parameter, НКУ, GTR). Чем они отличаются друг от друга?
17. Как выбрать подходящую модель нуклеотидных замен для конкретного набора данных? Какие критерии используются для выбора модели (например, AIC, BIC)?
18. Как параметр "gamma distribution" (Γ) используется в моделях нуклеотидных замен для учета вариабельности скоростей эволюции между сайтами?
19. Объясните принцип метода максимального правдоподобия. Как этот метод оценивает вероятность наблюдаемых данных для различных филогенетических деревьев?
20. В чем заключаются вычислительные сложности метода максимального правдоподобия? Какие существуют алгоритмы для поиска дерева с максимальным правдоподобием?

4. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

4.1. Перечень основной литературы:

1. Лукашов, В. В. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ /. В.В.Лукашов.— М. : БИНОМ. Лаборатория знаний,. 2009. — 256 с.

2. Ней, М. “Молекулярная эволюция и филогенетика”/. М. Ней, С. Кумар – М.: Курс. 2024.- 424 с.

4.2. Перечень дополнительной литературы:

1. P.Lemey, M.Salemi, A.-M.Vandamme “Phylogenetic Handbook”, 2nd Ed

2. E.Paradis “Analysis of Phylogenetics and Evolution with R”

3. A. Coghlan “A little book of R for bioinformatics”

4.3. Перечень современных профессиональных баз данных и ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

Stepik: Молекулярная филогенетика (<https://stepik.org/course/2054>)

5. Материально-техническое и программное обеспечение дисциплины

5.1. Материально-техническое обеспечение:

<i>Вид аудитории</i>	<i>Технические средства и оборудование</i>
<i>Учебная аудитория для проведения лекционных занятий и промежуточной аттестации</i>	Альфа 5.2 - учебная аудитория для проведения учебных занятий, предусмотренных программой магистратуры. Доска магнитно-маркерная поворотная BoardSYS Twist 100x160 ПО-15Ф 1 шт. Флипчарт 70*100 на роликах 1 шт. Стол-кафедра 1 шт. Стол аудиторный 1 шт. Столы-трансформеры Summa GA ученические 40 шт. Стулья на колесах ученические 40 шт. Ноутбук HP 1 шт. Интерактивная панель NexTouch Nextpanel 86" 1 шт. Радиосистема Arthur Forty U-9700C PSC (UHF) в комплекте. Акустическая система Behringer B215D 2 шт. Веб-камера 4K с технологией искусственного интеллекта JazzTel JT-Vintage-4K 1 шт. Комплект электронных презентаций.

5.2. Перечень лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения: Для проведения всех занятий используется проектор и компьютер для проекции слайдов. Для самостоятельной работы необходимо следующее ПО: пакет библиотек для Python (Anaconda), пакет библиотек для R (bioconductor)