

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Б1.В.05 Филогенетика

наименование дисциплины (модуля) в соответствии с учебным планом

Направление подготовки / специальность

06.04.01 Биология

Направленность (профиль)

06.04.01.06 Геномика и биоинформатика

Форма обучения

очная

Год набора

2021

Красноярск 2022

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили _____

к.б.н., Доцент, Орешкова Наталья Викторовна

должность, инициалы, фамилия

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Целью преподавания дисциплины является формирование у магистров базовых знаний об этапах проведения филогенетического анализа и интерпретации его результатов.

1.2 Задачи изучения дисциплины

Для достижения поставленной цели выделяются следующие задачи курса:

1. Рассмотреть основные этапы проведения филогенетического анализа.
2. Ознакомиться с алгоритмами попарного и множественного выравнивания нуклеотидных последовательностей.
3. Освоить навыки построения и анализа филогенетических деревьев.
4. Изучить современные методы филогенетического и филогеномного анализа и их применение на практике.

1.3 Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Запланированные результаты обучения по дисциплине
ПК-1: Способен осуществлять выбор форм и методов научно-исследовательской деятельности в соответствии с профилем научного исследования	
ПК-1.2: Способен: - решать задачи, связанные с проведением исследований с использованием современных методических подходов и специализированного оборудования	
ПК-3: Способен выполнять работы, связанные с исследованием и анализом генома и протеома живых организмов в т. ч. в областях здравоохранения, лесного хозяйства и охраны природы.	
ПК-3.1: Умеет: - в полном объеме планировать и реализовывать проведение лабораторных молекулярно-генетических исследований живых организмов; - планировать и реализовывать проведение работ с биоинформационными ресурсами.	

ПК-3.2: Владеет:	
<p>- современными методами обработки и интерпретации генетической информации при проведении научных исследований;</p> <p>- методами обработки данных геномного секвенирования, полученных с разных платформ; способностью извлекать необходимые данные из банков генетических данных;</p> <p>- знаниями для обработки полученных результатов, анализа и осмысливания их с учетом имеющихся литературных данных.</p>	
<p>ПК-3.3: Способен:</p> <p>- использовать знания геномики и биоинформатики для объяснения важнейших биохимических процессов, протекающих в живых организмах, как в норме, так и при возникновении патологий;</p> <p>ориентироваться в вопросах, связанных с анализом нуклеиновых кислот и белков;</p>	

1.4 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины: Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется с применением ЭО и ДОТ

URL-адрес и название электронного обучающего курса: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=12485>.

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	е
		1
Контактная работа с преподавателем:	0,89 (32)	
занятия лекционного типа	0,22 (8)	
практические занятия	0,67 (24)	
Самостоятельная работа обучающихся:	1,11 (40)	
курсовое проектирование (КП)	Нет	
курсовая работа (КР)	Нет	
Промежуточная аттестация (Экзамен)	1 (36)	

3 Содержание дисциплины (модуля)

3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

№ п/п		Модули, темы (разделы) дисциплины		Контактная работа, ак. час.									
				Занятия лекционного типа		Занятия семинарского типа				Самостоятельная работа, ак. час.			
						Семинары и/или Практические занятия		Лабораторные работы и/или Практикумы					
						Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС			Всего	В том числе в ЭИОС
1.													
		1. Введение в молекулярную филогенетику. Предмет и задачи молекулярной филогенетики. Чтение и интерпретация филогенетических реконструкций (дендрограмм).		1									
		2. Алгоритмы попарного и множественного выравнивания. Сравнительный анализ методов попарного и множественного выравнивания.		1									
		3. Молекулярная филогенетика. Концепция «молекулярных часов» и скорость молекулярной эволюции. Модели нуклеотидных замен и их применение.		2									
		4. Методы филогенетики. Метод UPGMA. Метод присоединения соседей (NJ). Метод максимальной парсимонии. Метод максимального правдоподобия (ML). Байесовская филогенетика.		2									

5. Филогеномика. Методы филогеномики. Метод суперматриц и метод супердеревьев. Оценка уровня конгруэнтности данных. Преимущества и ограничения филогеномного подхода.	2							
2.								
1. Выравнивание последовательностей. Попарное и множественное выравнивание. Оценка качества и редактирование выравниваний.			4					
2. Построение филогенетических деревьев. Обзор и установка программного обеспечения для филогенетики. Методы UPGMA и NJ. Интерпретация филогении.			4					
3. Модели нуклеотидных замен. Выбор оптимальной модели эволюции нуклеотидных последовательностей.			4					
4. Молекулярная филогенетика: метод максимального правдоподобия Построение филогенетических реконструкций методом ML. Редактирование деревьев.			4					
5. Молекулярная филогенетика: Байесовский метод. Построение филогенетических реконструкций методами Байесовского анализа.			4					
6. Филогеномика. Методы филогеномики и особенности анализа больших массивов данных. Оценка уровня конгруэнтности данных. Суперматрицы и супердеревья.			4					
3.								
1. Выравнивание последовательностей.							6	
2. Построение филогенетических деревьев.							8	
3. Модели нуклеотидных замен.							6	

4. Молекулярная филогенетика: метод максимального правдоподобия							6	
5. Молекулярная филогенетика: Байесовский метод.							6	
6. Филогеномика.							8	
Всего	8		24				40	

4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

4.1 Печатные и электронные издания:

1. Жимулев И. Ф., Беляева Е. С., Акифьев А. П. Общая и молекулярная генетика: учебное пособие для студентов университетов по направлению 510600- Биология и биологическим специальностям (Новосибирск: Сибирское университетское издательство).
2. Лав Р., Сивченко О. Linux. Системное программирование(Санкт-Петербург: Питер).
3. Игнасимуту С. Основы биоинформатики: перевод с английского (МоскваМосква: [R&C Dynamics] Регулярная и хаотическая динамика [РХД]).
4. Глик Б., Пастернак Д., Янковский Н. К. Молекулярная биотехнология: принципы и применение: перевод с английского(Москва: Мир).
5. Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К. Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).
6. Хаубольд Б., Вие Т., Чудов С. В., Артамонова И. И. Введение в вычислительную биологию. Эволюционный подход(Москва: Регулярная и хаотическая динамика).
7. Кузьмин Д. А., Удалова Ю. В. Разработка компонентов системного программного обеспечения. Процессы в Linux: учеб.-метод. пособие для студентов спец. 010501, 090102, 230100(Красноярск: СФУ).

4.2 Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства (программное обеспечение, на которое университет имеет лицензию, а также свободно распространяемое программное обеспечение):

1. Современные биоинформатические исследования требуют умения решать поставленные задачи с использованием самого разнообразного программного обеспечения, от пользовательских скриптов, размещенных в репозиториях, до дорогостоящего проприетарного ПО, такого как CLC Genomics Workbench. Философия современного биоинформатического сообщества заключается в том, что любую задачу можно решить несколькими способами: с использованием бесплатно распространяемого ПО, при помощи онлайн-сервисов и проприетарного ПО, или самостоятельно создать новый программный продукт для решения конкретной пользовательской задачи. В рамках данного курса используется только свободно распространяемое ПО: BLAST, UGENE, MEGA, BioEdit, SeaView, PhyML, RaxML, MrBayes, PartitionFinder, jModelTest, IQTREE, FigTree, Concatenator.

4.3 Интернет-ресурсы, включая профессиональные базы данных и информационные справочные системы:

1. Биоинформатика – та область знаний, в которой ресурсы Интернет используются практически для решения любой задачи. Вся биоинформатика основана на создании баз данных, наполнении их результатами научных работ исследователями со всего мира, открытости доступа к этим данным и сравнении новых результатов с уже опубликованными.
2. В рамках освоения дисциплины используется одна из крупнейших информационных систем в области биологии медицины, биофизики Национального центра биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information (NCBI)), США (www.NCBI.nlm.nih.gov).
3. БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом.
4. Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.
5. БД Nucleotide (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide>) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.
6. БД Protein (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из GenBank, RefSeq и ТРА, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
7. БД Structure (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml>) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.
8. БД Gene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. Gene-ID.
9. БД dbMHC (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init>) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные MajorHistocompatibilityComplex (МНС) для человека. БД dbMHC полностью интегрирована с другими ресурсами NCBI, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (IHWG).
10. DbSNP (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/>) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным путем.

11. БД ReferenceSequence (RefSeq) (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/>), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.
12. БД Genomic Biology представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для Fruitfly, Human, Malariaparasite, Mouse, Rat, Retroviruses, Zebrafish и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.
13. В БД UniGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/>) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.
14. HomoloGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene>) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.
15. Basic Local Alignment Search Tool (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/>) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.
16. Public repository Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»
17. GenBank (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html>) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. GenBank автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.
18. Для представления последовательностей в GenBank предложено два инструмента:
19. • BankIt – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
20. • Sequin – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.

21. Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в NCBI является поисковая система Search NCBI databases (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Она обеспечивает одновременный доступ как к нуклеотидным и белковым последовательностям (GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посредством использования стартовой страницы NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.
22. Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html>) и т. д., является сервис «My NCBI» (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/MyNCBI/>). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты по электронной почте. Пользователи «My NCBI» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в NCBI, и управлять политикой общественного доступа.

5 Фонд оценочных средств

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

6 Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Аудиторный класс, наличие проектора для демонстрации наглядных пособий и экрана. Компьютерный класс, Internet, свободно распространяемое ПО: BLAST, UGENE, MEGA, BioEdit, SeaView, PhyML, RaxML, MrBayes, PartitionFinder, jModelTest, IQTREE, FigTree, Concaterpillar.