

**ДЕРЖАВНИЙ ВИЩИЙ НАВЧАЛЬНИЙ ЗАКЛАД
«УЖГОРОДСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ»
БІОЛОГІЧНИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра ентомології та збереження біорізноманіття**



«ЗАТВЕРДЖУЮ»
Декан біологічного факультету
Ярослава ГАСИНЕЦЬ
«30» *серпень* 2025 року

РОБОЧА ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

ОК 10 ОСНОВИ МОЛЕКУЛЯРНОЇ ФІЛОГЕНЕТИКИ

Рівень вищої освіти	Другий (магістерський)
Галузь знань	Е Природничі науки, математика та статистика
Спеціальність	Е1 Біологія та біохімія
Освітньо-професійна програма	Біоінформатика
Статус дисципліни	обов'язкова
Мова навчання	українська

Ужгород 2025

Робоча програма навчальної дисципліни «Основи молекулярної філогенетики» для здобувачів вищої освіти галузі знань Е Природничі науки, математика та статистика спеціальності Е1 Біологія та біохімія освітньо-професійної програми «Біоінформатика».

Розробники: Мірутенко В.В., доцент, кандидат біологічних наук, завідувач кафедри ентомології та збереження біорізноманіття

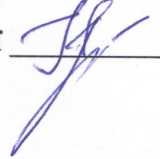
Робочу програму розглянуто та затверджено на засіданні кафедри ентомології та збереження біорізноманіття

протокол № 11 від «10» серпня 2025 р.

Завідувач кафедри  Владислав МІРУТЕНКО

Схвалено науково-методичною комісією біологічного факультету

протокол № 8 від «27» серпня 2025 р.

Голова науково-методичної комісії  Андрій ГАМОР

© Мірутенко В.В., 2025 р.

© ДВНЗ «Ужгородський національний університет», 2025 р.

1. ОПИС НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

Найменування показників	Розподіл годин за навчальним планом	
	Денна форма навчання	Заочна форма навчання
Кількість кредитів ЄКТС – 4	Рік підготовки:	
Загальна кількість годин – 120	1	1
Кількість модулів – 1	Семестр:	
Тижневих годин для денної форми навчання: 2,7	2	2
аудиторних – 46	Лекції:	
	24 год.	10 год.
	Практичні (семінарські):	
самостійної роботи студента – 74	-	-
Вид підсумкового контролю: екзамен	Лабораторні:	
	22 год.	4 год.
Форма підсумкового контролю: усна	Самостійна робота:	
	74 год.	106 год.

2. МЕТА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

Метою вивчення навчальної дисципліни «Основи молекулярної філогенетики» є сформувати у студентів цілісне уявлення про принципи та сучасні підходи філогенетики з використанням методів молекулярного аналізу, навчити аналізувати генетичні дані для реконструкції еволюційних зв'язків між організмами, а також застосовувати отримані знання для розв'язання фундаментальних і прикладних задач біології, медицини, екології та збереження біорізноманіття.

Відповідно до освітньої програми, вивчення дисципліни сприяє формуванню у здобувачів вищої освіти таких компетентностей:

ЗК–01. Здатність працювати у міжнародному контексті.

ЗК–02. Здатність використовувати інформаційні та комунікаційні технології.

ЗК–03. Здатність генерувати нові ідеї (креативність).

ФК–01. Здатність користуватися новітніми досягненнями біології, необхідними для професійної, дослідницької та/або інноваційної діяльності.

ФК–02. Здатність формулювати задачі моделювання, створювати моделі об'єктів і процесів на прикладі різних рівнів організації живого із використанням математичних методів й інформаційних технологій.

ФК–03. Здатність користуватися сучасними інформаційними технологіями та аналізувати інформацію в галузі біології і на межі предметних галузей.

ФК–04. Здатність аналізувати і узагальнювати результати досліджень різних рівнів організації живого, біологічних явищ і процесів.

ФК–06. Здатність прогнозувати напрямки розвитку сучасної біології на основі загального аналізу розвитку науки і технологій.

ФК–08. Здатність презентувати та обговорювати результати наукових і прикладних досліджень, готувати наукові публікації, брати участь у наукових конференціях та інших заходах.

ФК–10. Здатність використовувати результати наукового пошуку в практичній діяльності.

Методи навчання: лекції, лабораторні заняття, дискусії, презентації, самостійна робота, індивідуальна робота, тренінги.

3. ПЕРЕДУМОВИ ДЛЯ ВИВЧЕННЯ НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

Передумовами вивчення навчальної дисципліни «Основи молекулярної філогенетики» є опанування навчальних дисциплін освітньої програми:

- ОК 2. Сучасна методологія біологічних досліджень з основами інтелектуальної власності;
- ОК 3. Основи біоінформатики;
- ОК 5. Біоінформаційні бази даних;
- ОК 6. Технології секвенування та генотипування;
- ОК 7. Популяційна біологія та еволюційна генетика.

4. ОЧІКУВАНІ РЕЗУЛЬТАТИ НАВЧАННЯ

Відповідно до освітньо-професійної програми «Біоінформатика», вивчення навчальної дисципліни повинно забезпечити досягнення здобувачами вищої освіти таких програмних результатів навчання (ПРН):

Програмні результати навчання	Шифр ПРН
Використовувати бібліотеки, інформаційні бази даних, інтернет ресурси для пошуку необхідної інформації.	ПРН 02
Розв'язувати складні задачі в галузі біології, генерувати та оцінювати ідеї.	ПРН 04
Застосовувати під час проведення досліджень знання особливостей розвитку сучасної біологічної науки, основні методологічні принципи наукового дослідження, методологічний і методичний інструментарій проведення наукових досліджень за спеціалізацією.	ПРН 08
Планувати наукові дослідження, обирати ефективні методи дослідження та їх матеріальне забезпечення.	ПРН 09
Проводити статистичну обробку, аналіз та узагальнення отриманих експериментальних даних із використанням програмних засобів та сучасних інформаційних технологій.	ПРН 11
Використовувати інноваційні підходи для розв'язання складних задач біології за невизначених умов і вимог.	ПРН 12
Уміти самостійно планувати і виконувати інноваційне завдання та формулювати висновки за його результатами.	ПРН 15
Критично осмислювати теорії, принципи, методи з різних галузей біології для вирішення практичних задач і проблем.	ПРН 16

Очікувані результати навчання, які повинні бути досягнуті здобувачами освіти після опанування навчальної дисципліни «Основи молекулярної філогенетики»:

Очікувані результати навчання з дисципліни	Шифр ПРН
Вміння планувати і проводити наукові дослідження	ПРН 02, 04, 08, 09
Вміння описувати етапи отримання та аналізу молекулярних даних	ПРН 08, 11
Вміння працювати з базами даних нуклеотидних та білкових послідовностей	ПРН 02, 12
Вміння застосовувати спеціалізоване програмне забезпечення	ПРН 09, 11, 12
Вміння аналізувати молекулярні дані для виявлення еволюційних зв'язків та біогеографічних закономірностей, критично оцінювати достовірність та коректність отриманих філогенетичних реконструкцій, робити науково обґрунтовані висновки щодо еволюційних процесів	ПРН 02, 04, 12, 15
Вміння застосовувати набуті знання для вирішення завдань у сферах систематики, медицини, екології, біотехнології та збереження	ПРН 04, 12, 16

5. ЗАСОБИ ТА КРИТЕРІЇ ОЦІНЮВАННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ НАВЧАННЯ

Засоби оцінювання та методи демонстрування результатів навчання

Засобами оцінювання та методами демонстрування результатів навчання з навчальної дисципліни є:

- екзамен;
- модульні контрольні;
- тестові опитування;
- презентації;
- реферати;
- завдання лабораторних робіт;
- інші види індивідуальних та групових завдань.

Форми контролю та критерії оцінювання результатів навчання

Форми поточного контролю: усне, письмове/тестове опитування, виконання завдань лабораторних робіт.

Форма модульного контролю: модульне контрольне оцінювання у формі письмової контрольної роботи та/або тестування.

Форма підсумкового семестрового контролю: екзамен.

Поточне оцінювання (часткове) за темами 3, 4, 5 можна отримати при за умови підтвердженої участі у тренінгах, конференціях, проходженні онлайн курсів, семінарів.

Розподіл балів, які отримують здобувачі вищої освіти (модуль 1)

Поточне оцінювання та самостійна робота								Модульна контрольна робота	Сума
T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	40	100
7,5	7,5	7,5	7,5	7,5	7,5	7,5	7,5		

T1, T2 ... – теми

Оцінювання окремих видів навчальної роботи з дисципліни

Вид діяльності здобувача вищої освіти	Модуль 1		Модуль 2	
	Кількість	Максимальна кількість балів (сумарна)	Кількість	Максимальна кількість балів (сумарна)
Практичні (семінарські) заняття				
Лабораторні заняття (допуск, виконання та захист)	11	40		
Комп'ютерне тестування при тематичному оцінюванні				
Письмове тестування при тематичному оцінюванні				
Презентація	2	10		
Реферат	2	10		
Есе				
...				
Модульна контрольна робота		40		

Разом	100
-------	-----

Критерії оцінювання модульної контрольної роботи

Модульна контрольна робота у формі письмового / тестового контролю
Загалом по 2 питання. Кожне питання оцінюється максимум в 20 балів.

Оцінка відмінно (А) виставляється, коли студент дає абсолютно правильні відповіді на теоретичні питання з викладенням оригінальних висновків, отриманих на основі програмного, додаткового матеріалу та нормативних документів. При виконанні практичного завдання студент застосовує системні знання навчального матеріалу, передбачені навчальною програмою.

Оцінка добре (В) виставляється студенту, який повністю розкрив теоретичні питання на основі програмного та додаткового матеріалу. При виконанні практичних завдань студент застосовує узагальнені знання навчального матеріалу, передбачені навчальною програмою.

Оцінка добре (С) виставляється студенту, який повністю розкрив теоретичні питання, а програмний матеріал викладено у відповідності до вимог. Практичні завдання виконані в цілому правильно, але мають місце окремі неточності.

Оцінка задовільно (D) виставляється, коли студент розкрив теоретичні питання, проте при викладенні програмного матеріалу допущені окремі помилки. При виконанні практичних завдань студент припускається помилок, за рахунок недостатнього розуміння програмного матеріалу.

Оцінка задовільно (Е) виставляється, коли студент неповністю розкрив теоретичні питання, відповідь містить суттєві помилки. При виконанні практичних завдань студент припускається значних помилок, а виконання завдань викликає значні труднощі у студента.

Оцінка незадовільно (FX) виставляється студенту, який не розкрив теоретичні питання і не може виконати практичні завдання. Як правило такий студент виявляє здатність до викладення думки лише на елементарному рівні.

Оцінка незадовільно (F) виставляється студенту, який не виконав навчальну програму або якийсь елемент її складової, має фрагментарні знання, які не дозволяють розкрити теоретичні питання і виконати практичні завдання. Такий студент не може викласти свою думку навіть на елементарному рівні. За результатами контролю знань студентів, дозволяється виставлення екзаменаційної оцінки (без підсумкового іспиту) – «відмінно», «добре», та «задовільно».

Студент має право підвищити оцінку, складаючи екзамен.

Критерії оцінювання підсумкового семестрового контролю

Шкала оцінювання: національна та ECTS

Сума балів за всі види навчальної діяльності	Оцінка ECTS	Оцінка за національною шкалою	
		для іспиту	для заліку
90-100	A	відмінно	зараховано
82-89	B	добре	
74-81	C		
64-73	D		
60-63	E	задовільно	
0-59	FX	незадовільно з можливістю повторного складання	не зараховано з можливістю повторного складання
	F	незадовільно з обов'язковим повторним вивченням дисципліни	не зараховано з обов'язковим повторним вивченням

			дисципліни
--	--	--	------------

6. ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

6.1. Зміст навчальної дисципліни

Модуль 1. Теоретичні основи, методи, прикладні аспекти та сучасні напрямки молекулярної філогенетики.

Тема 1. Вступ до молекулярної філогенетики.

Основні поняття молекулярної філогенетики (філогенія, таксономія, еволюційні зв'язки, молекулярні маркери), Предмет і завдання молекулярної філогенетики як міждисциплінарної науки на перетині молекулярної біології, біоінформатики та еволюційної біології. Історія розвитку методів філогенетичного аналізу. Роль молекулярних досліджень у сучасній біології – систематиці, біогеографії, медицині та біотехнологіях.

Тема 2. Молекулярні маркери у філогенетиці.

Основні типи молекулярних маркерів: ДНК, РНК і білкові послідовності як джерела інформації. Характеристики мітохондріальних, хлоропластних та ядерних генів. Критерії вибору маркерів для різних рівнів молекулярного аналізу: інтра- та міжвидові порівняння, дослідження популяцій чи вищих таксонів.

Тема 3. Методи отримання молекулярних даних.

Основні етапи підготовки молекулярних даних для філогенетичного аналізу. Методики екстракції та ампліфікації ДНК (ПЛР), методи секвенування (класичний метод Сангера та сучасні технології NGS). Бази даних послідовностей (GenBank, EMBL, DDBJ тощо) та онлайн-ресурси й інструменти для пошуку, завантаження та аналізу даних.

Тема 4. Вирівнювання нуклеотидних та амінокислотних послідовностей. Моделі еволюції послідовностей.

Значення вирівнювання послідовностей у філогенетичних дослідженнях. Глобальне і локальне вирівнювання, алгоритми вирівнювання (BLAST, Clustal, MUSCLE). Методи оцінки якості вирівнювання та способи оптимізації даних для побудови дерев. Концепція молекулярної еволюції. Необхідність використання математичних моделей для опису заміन нуклеотидів. Моделі замін нуклеотидів, вибір та перевірка моделей. Роль моделей у підвищенні точності філогенетичних реконструкцій.

Тема 5. Методи побудови філогенетичних дерев.

Основні підходи до реконструкції філогеній: відстаневі методи (UPGMA, Neighbor-Joining), методи на основі ознак (Maximum Parsimony), імовірнісні методи (Maximum Likelihood, Bayesian Inference). Порівняння методів, їхні переваги та недоліки, а також сфери застосування. Програмне забезпечення, яке використовується для побудови та аналізу філогенетичних дерев.

Тема 6. Оцінка достовірності філогенетичних реконструкцій. Молекулярні годинники та датування еволюційних подій.

Методи статистичної перевірки надійності дерев: бутстреп-аналіз, байєсівські ймовірності. Помилки і обмеження методів. Концепція молекулярного годинника, принципи його роботи та застосування для оцінки часу дивергенцій. калібрування годинників. Приклади датування еволюційних подій.

Тема 7. Філогеноміка та великомасштабні дані.

Аналіз багатогенних та геномних даних. Філогенетика в епоху NGS і метагеноміки: можливості та виклики, пов'язані з використанням технологій NGS і метагеноміки. Інтеграція даних з різних джерел. Проблеми конгруентності та горизонтального переносу генів, рекомбінації.

Тема 8. Застосування та перспективи розвитку молекулярної філогенетики.

Практичне значення молекулярної філогенетики для різних сфер науки та суспільства. Систематика і класифікація організмів. Біогеографія і реконструкція історії видів. Медична і прикладна філогенетика (біобезпека, ідентифікація вірусів, патогенів). Філогенетика і збереження біорізноманіття. Інтеграція молекулярних даних з морфологічними та екологічними. Перспективні напрямки досліджень.

6.2. Структура навчальної дисципліни

Назви змістових модулів і тем	Кількість годин										
	Форма навчання: денна						Форма навчання: заочна				
	Усього	у тому числі:					Усього	у тому числі:			
		лекції	практичні (семінарські)	лабораторні	індивідуальна робота	самостійна робота		лекції	практичні (семінарські)	лабораторні	індивідуальна робота
2-й семестр											
Модуль 1											
Тема 1. Вступ до молекулярної філогенетики	12	2		2		8	7	1			6
Тема 2. Молекулярні маркери у філогенетиці	18	4		4		10	15	1			14
Тема 3. Методи отримання молекулярних даних	18	4		4		10	19	2		1	16
Тема 4. Вирівнювання нуклеотидних та амінокислотних послідовностей. Моделі еволюції послідовностей	20	4		4		12	22	1		1	20
Тема 5. Методи побудови філогенетичних дерев	18	4		4		10	24	2		2	20
Тема 6. Оцінка достовірності філогенетичних реконструкцій. Молекулярні годинники та датування еволюційних подій	12	2		2		8	11	1			10
Тема 7. Філогеноміка та великомасштабні дані	11	2		1		8	11	1			10
Тема 8. Застосування та перспективи розвитку молекулярної філогенетики	11	2		1		8	11	1			10
Разом за модуль	120	24		22		74	120	10		4	106
Разом за семестр	120	24		22		74	120	10		4	106

6.3. Теми лабораторних занять

№ з/п	Назва теми	Кількість годин	
		денна	заочна
1	Вступ до молекулярної філогенетики	2	
2	Молекулярні маркери у філогенетиці	4	
3	Методи отримання молекулярних даних	4	1
4	Вирівнювання нуклеотидних та амінокислотних послідовностей. Моделі еволюції послідовностей	4	1
5	Методи побудови філогенетичних дерев	4	2

6	Оцінка достовірності філогенетичних реконструкцій	2	
7	Філогеноміка	1	
8	Застосування та перспективи розвитку молекулярної філогенетики	1	
Разом		22	4

6.4. Самостійна робота

№ з/п	Назва теми	Кількість годин	
		денна	заочна
1	Історія розвитку молекулярної філогенетики: ключові етапи та наукові відкриття	8	6
2	Порівняльний аналіз морфологічних і молекулярних підходів у систематиці	10	14
3	Огляд основних типів молекулярних маркерів	10	16
4	Методи секвенування: від Сангера до NGS (порівняння можливостей і обмежень).	12	20
5	Бази даних молекулярних послідовностей: структура та принципи пошуку	10	20
6	Алгоритми вирівнювання послідовностей (BLAST, Clustal, MUSCLE): принципи роботи та сфери застосування	8	10
7	Методи побудови філогенетичних дерев: Neighbor-Joining, Maximum Parsimony, Maximum Likelihood, Bayesian Inference (порівняльний аналіз)	8	10
8	Філогеноміка як новий етап розвитку молекулярної філогенетики. Приклади застосування молекулярної філогенетики у біології та медицині. Перспективи розвитку молекулярної філогенетики.	8	10
Разом		74	106

6.5. Індивідуальні завдання (у разі потреби)

7. ІНСТРУМЕНТИ, ОБЛАДНАННЯ ТА ПРОГРАМНЕ ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ, ВИКОРИСТАННЯ ЯКИХ ПЕРЕДБАЧАЄ НАВЧАЛЬНА ДИСЦИПЛІНА (у разі потреби)

Технічні засоби: комп'ютерна техніка (ноутбуки), мультимедійний проектор, спеціалізоване програмне забезпечення (MEGA, Seaview, PhyloSuite).

8. РЕКОМЕНДОВАНІ ДЖЕРЕЛА ІНФОРМАЦІЇ

Основна література:

1. Bickel D.R. (2022) Phylogenetic Trees and Molecular Evolution. A Hands-on Introduction with Uncertainty Quantification Corrected Book. Springer. DOI: 10.1007/978-3-031-11958-3
2. Lemey P.(2012) The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. Cambridge University Press. DOI: 10.1017/CBO9781139196752. ISBN: 978-0521877107
3. Leonardo A., Dopazo H. (2006) Molecular Evolution and Phylogenetics. Cambridge University Edition.
4. Page R.D.M. (2011) Introduction to Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press. ISBN: 978-0198566991
5. Yang Z. (2014) Molecular Evolution: A Statistical Approach. Oxford University Press. ISBN: 978-0198567028

Допоміжна література:

1. Зінатулін, Р.Ф. (2007). "Філогенетика та еволюційна біоінформатика". Київський університет. ISBN: 978-966-07-0730-1
2. Barton N.H., Briggs D.E.G., Eisen J.A., Goldstein D.B., Patel N.H. (2007) Chapter 26. Phylogenetic reconstruction. In: Evolution. CSHL Press.
3. Doolittle W. F. (1999) Phylogenetic Classification and the Universal Tree // *Science*, 284, 2124-2128. DOI: 10.1126/science.284.5423.2124

Інформаційні ресурси в мережі Інтернет:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

<https://www.embl.org/>

<https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>

**Результати перегляду
робочої програми навчальної дисципліни**

Робоча програма перезатверджена на 20__ / 20__ н.р. без змін; зі змінами (Додаток __).
(потрібне підкреслити)

протокол № __ від «__» _____ 20 __ р. Завідувач кафедри _____
(підпис) (Прізвище ініціали)

Робоча програма перезатверджена на 20__ / 20__ н.р. без змін; зі змінами (Додаток __).
(потрібне підкреслити)

протокол № __ від «__» _____ 20 __ р. Завідувач кафедри _____
(підпис) (Прізвище ініціали)

Робоча програма перезатверджена на 20__ / 20__ н.р. без змін; зі змінами (Додаток __).
(потрібне підкреслити)

протокол № __ від «__» _____ 20 __ р. Завідувач кафедри _____
(підпис) (Прізвище ініціали)

Робоча програма перезатверджена на 20__ / 20__ н.р. без змін; зі змінами(Додаток __).
(потрібне підкреслити)

протокол № __ від «__» _____ 20 __ р. Завідувач кафедри _____
(підпис) (Прізвище ініціали)