



**МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РФ**  
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
**«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»**  
ФГБОУ ВО «ИГУ»

**Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики**



**ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ**

для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине:

**Б1. В.17 «МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА»**

Специальность: 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»  
( ):

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная

Согласовано с УМК биолого-почвенного  
факультета  
Протокол № 5 от 21 марта 2025 г.  
Председатель А.Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой физико-химической  
биологии, биоинженерии и биоинформатики  
Протокол № 12 от 19 марта 2025 г.  
Зав. кафедрой В.П. Саловарова

Иркутск 2025г.

## Содержание

	стр.
1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины.....	3
2. Оценочные материалы для проведения текущего контроля .....	5
2.1 Тестирование .....	5
2.2. Устный доклад с презентацией .....	10
2.3. Вопросы для текущего контроля .....	13
2.4. Ситуационные задачи.....	15
3. Оценочные материалы, используемые при проведении промежуточной аттестации .....	19
3.1. Тестовые задания на установление соответствия .....	19
3.2. Тестовые задания на установление последовательности .....	22
3.3. Тестовые задания комбинированного типа (с выбором одного или нескольких верных ответов из четырёх предложенных) и аргументацией .....	24
3.4. Тестовые задания открытого типа с эталонными ответами .....	27

## ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ

Разработан для учебной дисциплины Б1.В.17 «Молекулярная филогенетика» специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», Специализация: «Биоинженерия и биоинформатика». Фонд оценочных материалов (ФОМ) включает оценочные материалы для проведения текущего контроля, промежуточной аттестации в форме зачета.

Оценочные материалы соотнесены с требуемыми результатами освоения образовательной программы 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», в соответствии с содержанием рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.17 «Молекулярная филогенетика» с учетом ОПОП.

Нормативные документы, регламентирующие разработку ФОМ:

- статья 2, часть 9 Федерального закона «Об образовании в Российской Федерации», ФЗ-273, от 29.12.2012 г.;

- ФГОС ВО по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 12 августа 2020 г. № 973.

### 1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины (4 курс, 8 семестр)

**ПК-:** Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов, а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам.

Компетенции	Индикаторы компетенций	Планируемые результаты обучения	Формы и методы контроля и оценки
<p><b>ПК-1</b> Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных,</p>	<p><i>ИДК ПК-1.1</i> Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности</p>	<p><b>Знать:</b> основные понятия молекулярной филогенетики, концепцию молекулярных часов, закон необратимости биологической эволюции, программы для эволюционного анализа; <b>Уметь:</b> ориентироваться в существующих филогенетических системах; <b>Владеть:</b> способностью формировать суждения по эволюционным проблемам, используя современные образовательные и информационные технологии</p>	<p><b>Текущий контроль:</b> - устный опрос, -устный доклад-презентация, -ситуационные задачи</p> <p><b>Промежуточная аттестация:</b> зачет</p>
	<p><i>ИДК ПК-1.2</i> Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных</p>	<p><b>Знать:</b> виды и методы построения филогенетических деревьев, особенности применения филогенетического анализа для решения разных задач</p>	

<p>организмов, а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам.</p>	<p>направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p><b>Уметь:</b> работать с базами генетических данных, проводить филогенетический анализ данных с использованием специализированных программ. <b>Владеть:</b> способностью использования фундаментальных знаний для, построения информационных моделей и практических разработок.</p>	
	<p><i>ИДК ПК-1.3</i> Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач профессиональной деятельности</p>	<p><b>Знать:</b> основные биологические базы данных, содержащие геномную, структурную и другую информацию; <b>Уметь:</b> проводить филогенетический анализ данных с использованием специализированных программ. <b>Владеть:</b> способностью формировать суждения по эволюционным проблемам исходя из результатов филогенетического анализа</p>	

## 2. Оценочные материалы для проведения текущего контроля

### 2.1. Устный доклад с презентацией

*Устный доклад* – это сообщение в течение 10 мин, в котором студент в лаконичной форме должен изложить материал по соответствующей теме, придерживаясь следующего плана: введение, основная часть, заключение. Доклад сопровождается презентацией, отражающей основные положения по соответствующей теме, включающей наглядные материалы (схемы, таблицы, фото и т.д.). По окончании доклада студенту задают вопросы, как преподаватель, так и студенты, на которые докладчик должен дать исчерпывающие ответы.

*Рекомендации по подготовке презентации.*

*Презентации* — способ представления информации, сочетающий в себе текст, гипертекстовые ссылки, компьютерную анимацию, графики, видео, музыку и звуковой ряд, которые организованы в единую среду. Презентация имеет сюжет, сценарий и структуру, организованную для удобного восприятия информации. Отличительной особенностью презентации является её интерактивность, то есть создаваемая для пользователя возможность взаимодействия через элементы управления.

Презентация всегда состоит из двух основных компонентов: информации, которую выступающий хочет донести до аудитории, и манеры изложения. Написанный на бумаге текст помогает более четко и последовательно изложить материал. Презентации обычно делают в PowerPoint, в Impress, либо в Acrobat. Желательно придерживаться принципа: один слайд - одна мысль. Титульный слайд должен содержать название презентации, её автора, контактную информацию автора. На втором слайде обычно представлен план презентации, основные разделы или вопросы, которые будут рассмотрены. Остальные слайды нужно строить по модели: тезис - аргументы – вывод. Выводы всегда должно быть даны ясно и лаконично на отдельном слайде. Предпоследний слайд должен содержать информацию об использованных источниках литературы, интернет-ресурсах. Последний слайд может повторять титульный с добавлением фразы «Спасибо за внимание!»

На слайды должны попасть только самые важные тезисы и данные, а также графический материал: диаграммы, рисунки, фотографии. Старайтесь делать слайды на однородном светлом фоне с более контрастным текстом. Ключевые слова в предложении лучше выделять жирным шрифтом или цветом. Текст пишите крупно, плотно набранный текст сложнее воспринимается. Максимальный балл: 20

### Темы докладов

1. История и развитие молекулярной филогенетики
2. Методы выравнивания последовательностей: обзор и применение
3. Молекулярные маркеры в филогенетике: виды и выбор
4. Построение филогенетических деревьев: алгоритмы и программы
5. Молекулярные часы и оценка времени эволюционных событий
6. Геномика и филогенетика: интеграция данных
7. Филогенетика вирусов и микробов: особенности и вызовы
8. Реконструкция древних эволюционных событий с помощью молекулярных данных
9. Сравнительный анализ филогенетических методов: максимальное правдоподобие, байесовские методы, соседний метод
10. Филогенетика и систематика: современные подходы и проблемы

11. Применение молекулярной филогенетики в биомедицине
12. Эволюция белков и нуклеиновых кислот в контексте филогенетики
13. Программное обеспечение для молекулярной филогенетики: обзор и сравнение
14. Роль горизонтального переноса генов в эволюции и филогенетике
15. Анализ филогенетических деревьев: методы оценки достоверности
16. Молекулярная филогенетика в изучении биоразнообразия и охране природы
17. Филогенетические методы в палеонтологии и эволюционной биологии
18. Филогенетика человека: происхождение и миграции
19. Использование молекулярной филогенетики в судебной экспертизе и криминалистике
20. Этические вопросы и перспективы развития молекулярной филогенетики

### Критерии оценивания устного доклада с презентацией

Оценка доклада осуществляется в соответствие со следующими критериями: четкость изложения основных элементов; понимание изучаемой проблемы и методологии; умение выявлять сильные стороны и недостатки изложенных в научной литературе теорий и использованных методологических подходов; владение профессиональной терминологией; умение отвечать на вопросы аудитории.

Критерий	Оцениваемые компетенции	Оценка
Тема раскрыта полностью, проанализировано современное состояние вопроса; студент свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, хорошим научным языком. Доклад сопровождается презентацией, которая составлена с соблюдением общих требований оформления, содержит ссылки на приведенные фото, рисунки, схемы и т.д. При обсуждении студент демонстрирует понимание изучаемой проблемы и методологии научного исследования, владение профессиональной терминологией и умение грамотно отвечать на вопросы аудитории.	ПК-1	отлично
Тема раскрыта, приведено достаточное количество материала, но при этом материал в недостаточной степени проанализирован автором. Имеются недочеты в оформлении презентации или презентация не в полной степени соответствует общим требованиям. Ответы студента на вопросы не являются исчерпывающими и аргументированными.		хорошо
Тема раскрыта не полностью, материал не проанализирован, студент показывает поверхностные знания. Презентация частично соответствует установленным требованиям. При обсуждении доклада студент дает неправильные или исчерпывающие ответы.		удовлетворительно
Тема не раскрыта, приведен скудный объем материала; презентация отсутствует или не соответствует требованиям. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют вопросам.		неудовлетворительно

### 2.2. Вопросы для текущего контроля

- Что изучает молекулярная филогенетика?
- В чем преимущества молекулярных методов перед морфологическими?

- Какие типы филогенетических деревьев существуют и какова их биологическая интерпретация?
  - Какие существуют типы молекулярных маркеров?
  - Чем отличаются митохондриальные и ядерные маркеры?
  - Как выбрать оптимальный маркер для разных групп организмов?
  - Что такое гомология и как она связана с выравниванием?
  - Какие алгоритмы применяются для выравнивания?
  - Чем отличается множественное выравнивание от парного?
  - Для чего применяются модели эволюции нуклеотидных последовательностей?
  - Сравните модели JC69, K2P и GTR.
  - Как осуществляется выбор модели?
  - Опишите принципы метода наименьших расстояний (Neighbor-Joining).
  - В чем суть метода максимальной правдоподобности?
  - Как оценивается достоверность ветвей? Что такое бутстреп-анализ?
  - Что такое монофилия, парафилия и полифилия?
  - Как определить, какие виды являются ближайшими родственниками?
  - Что означает длина ветви в дереве?
  - Опишите основные базы данных для молекулярной филогенетики.
  - С какими типами данных работает программа MEGA?
  - Какие преимущества у программ MrBayes и RAxML?

### Критерии оценивания работы студентов на практических занятиях

Критерий	Оцениваемые компетенции	Оценка
Студент активно работает на занятиях, дает правильные ответы. Для подготовки, кроме конспекта лекций и рекомендуемой литературы, использует дополнительные материалы.	ПК-1	отлично
Студент активно работает на занятиях, дает достаточно полные ответы, демонстрируя хорошую подготовку, однако при этом допускает небольшие неточности.		хорошо
Студент отвечает на вопросы, допуская ошибки и неточности.		удовлетворительно
Студент дает неверные ответы, показывая очень слабую подготовку.		неудовлетворительно

### 2.3. Ситуационные задачи

Решение ситуационных задач (кейсов) – это форма текущего контроля самостоятельной работы студента по систематизации информации в рамках постановки или решения конкретных проблем. Ситуационная задача представляет собой описание ситуации, которую надо решить, ответив на вопросы, носящие проблемный характер и (или) выполнив задания, которые демонстрируют сформированность умения решения практических заданий.

#### **Задача 1: Анализ филогенетических отношений между видами** Ситуация:

Исследователь изучает филогенетические отношения между четырьмя видами: А, В, С и D. Для этого он выделяет митохондриальную ДНК из образцов каждого вида и проводит секвенирование. Полученные последовательности анализируются с использованием метода максимальной вероятности для построения филогенетического дерева. Результаты показывают, что виды А и В образуют отдельную кладу, а виды С и D — другую. Виды А и С находятся на разных ветвях дерева, что свидетельствует о более удалённом родстве между ними.

**Вопросы:**

1. **Какие молекулярные маркеры использовались для анализа филогенетических отношений?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_:

**Правильный ответ:** для анализа использовалась митохондриальная ДНК, которая часто применяется в филогенетических исследованиях из-за её материнского наследования и относительно высокой скорости мутаций.

2. **Какой метод был применён для построения филогенетического дерева?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Применён метод максимальной вероятности (Maximum Likelihood), который оценивает вероятность наблюдаемых данных при различных гипотезах о филогенетических связях между видами.

3. **Что означает наличие двух отдельных клад в филогенетическом дереве?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Наличие двух отдельных клад указывает на то, что виды А и В образуют отдельную эволюционную линию, а виды С и D — другую, что свидетельствует о их независимом эволюционном развитии.

4. **Какие выводы можно сделать о родственных связях между видами А, В, С и D?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Виды А и В более тесно связаны между собой, чем с видами С и D. Виды А и С находятся на разных ветвях дерева, что свидетельствует о более удалённом родстве между ними.

## **Задача 2: Выявление гена, связанного с заболеванием**

**Ситуация:**

В семье наблюдается наследственное заболевание, проявляющееся у потомства. Исследователь решает провести молекулярный анализ, чтобы выявить возможный ген, связанный с заболеванием. Для этого он проводит секвенирование генов у больных и здоровых членов семьи. Результаты показывают, что у больных имеется мутация в определённом гене, отсутствующая у здоровых.

**Вопросы:**

1. **Какие методы молекулярной биологии могут быть использованы для выявления мутации, связанной с заболеванием?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Для выявления мутации могут быть использованы методы секвенирования ДНК, такие как Sanger-секвенирование или секвенирование следующего поколения (NGS), а также методы полимеразной цепной реакции (ПЦР) с последующим анализом продуктов.

2. **Как можно подтвердить, что обнаруженная мутация является причиной заболевания?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Подтверждение может быть достигнуто путём сопоставления мутации с известными патогенными вариантами в базах данных, проведения функциональных исследований, таких как анализ экспрессии гена или моделирование мутации в клеточных культурах или животных моделях.

**3. Какие дополнительные исследования могут быть проведены для уточнения роли данного гена в развитии заболевания?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Дополнительные исследования могут включать анализ экспрессии гена в различных тканях, исследование взаимодействий белка, кодируемого данным геном, с другими молекулами, а также использование моделей животных с нокаутом или гипоморфной мутацией этого гена для изучения фенотипических проявлений.

### **Задача 3: Оценка генетического разнообразия популяции**

**Ситуация:**

Исследователь изучает генетическое разнообразие популяции редкого вида растений. Для этого он анализирует микросателлитные маркеры у различных особей. Результаты показывают высокую степень полиморфизма, что свидетельствует о значительном генетическом разнообразии внутри популяции.

**Вопросы:**

**1. Что такое микросателлитные маркеры и почему они используются для оценки генетического разнообразия?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Микросателлиты — это короткие повторяющиеся последовательности ДНК, которые характеризуются высокой вариабельностью длины между особями. Они используются для оценки генетического разнообразия из-за их полиморфизма и распространённости в геноме.

**2. Какие методы анализа данных микросателлитов могут быть применены для оценки генетического разнообразия?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Для анализа могут быть использованы методы ПЦР с флуоресцентной меткой, электрофорез в геле или капиллярный электрофорез для определения длины амплифицированных фрагментов, а также статистические методы, такие как анализ  $F_{st}$ , для оценки степени дифференциации между популяциями.

**3. Какие выводы можно сделать о состоянии популяции на основе полученных данных?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** Высокая степень полиморфизма свидетельствует о значительном генетическом разнообразии, что может указывать на здоровую популяцию с высоким потенциалом адаптации к изменениям окружающей среды.

### **Задача 4: Инконгруэнтность деревьев**

**Ситуация:**

Вы построили филогенетические деревья по двум разным генам (gene A и gene B) для одних и тех же таксонов. Деревья получились различными.

**Вопрос:**

**Какое наиболее вероятное объяснение этому наблюдению?**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:**

Разные гены могут иметь разную эволюционную историю из-за горизонтального переноса генов, неполной сортировки предковых аллелей или различий в скорости эволюции. Это называется филогенетическая инконгруэнтность.

**Задача 5: Молекулярные часы****Ситуация:**

В двух видах обнаружены последовательности одного и того же гена. Между ними — 60 нуклеотидных различий. Известно, что скорость мутаций составляет  $1 \times 10^{-9}$  замен на сайт в год, а длина гена — 1000 пар оснований.

**Вопрос:**

**Оцените время расхождения этих двух видов.**

*Ответ:* \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:**

Общее количество замен: 60

Общая скорость замен (в двух линиях):  $2 \times 1000 \times 1 \times 10^{-9} = 2 \times 10^{-6}$  замен/год

Время расхождения:  $60 / (2 \times 10^{-6}) = 30$  миллионов лет назад

**Критерии оценки решения ситуационной задачи**

Критерии	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл	Отметка
Ситуационная задача выполнена правильно с определением необходимых показателей. Не допускаются неточности в ответах на вопросы, определении показателей и расчетах	ПК-1	10	отлично
Ситуационная задача выполнена правильно. Допускаются небольшие отклонения в ответах на вопросы к ситуационной задаче.		9-8	хорошо
Ситуационная задача выполнена правильно. Допускаются неточности в ответах на вопросы к задаче, к оценке ситуации и определении ряда параметров в задании.		7-5	удовлетворительно
Решение ситуационной задачи не правильное, ответы отсутствуют или ситуационная задача по всем параметрам выполнена неверно.		4 и меньше	неудовлетворительно

### 3. Оценочные материалы, используемые при проведении промежуточной аттестации (зачет)

Промежуточная аттестация проходит в форме зачета (8 семестр), к которому допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу. Студенты, имеющие задолженность, должны выполнить все обязательные виды деятельности. Зачёт проводится в форме тестирования

## Задания для тестирования

### I. Тестовые задания на установление соответствия

#### Задание 1

Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца.

**Сопоставьте молекулярные маркеры с соответствующей группой организмов, где они чаще всего применяются:**

А. 16S рРНК	1. Грибы
Б. ITS-регионы	2. Бактерии
В. COI (cytochrome c oxidase I)	3. Животные
Г. rbcL	4. Растения

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–2, Б–1, В–3, Г–4

#### Задание 2

Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца.

**Сопоставьте этапы построения филогенетического дерева с их описаниями:**

А. Экстракция ДНК	1. Получение нуклеотидных последовательностей
Б. Выравнивание	2. Сопоставление гомологичных участков
В. Построение дерева	3. Применение алгоритма (NJ, ML, MP и др.)
Г. Бутстреп-анализ	4. Проверка достоверности узлов дерева

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–1, Б–2, В–3, Г–4

#### Задание 3

Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:

**Сопоставьте тип данных с соответствующим уровнем филогенетического анализа:**

А. Полный геном	1. Глубокие эволюционные связи
Б. Один ген	2. Определение родственных видов

| В. Рибосомная РНК | 3. Универсальный молекулярный маркер |  
| Г. Митохондриальный ген | 4. Чаще всего используется для животных

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–1, Б–2, В–3, Г–4

#### Задание 4

*Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:*

**Сопоставьте тип дерева с его характеристикой:**

А. Укоренённое	1. Отображает направление эволюции
Б. Неукоренённое	2. Показывает родство, но не направление
В. Кладограмма	3. Отображает топологию, не длину ветвей
Г. Филограмма	4. Ветви пропорциональны эволюционному расстоянию

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–1, Б–2, В–3, Г–4

#### Задание 5

*Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:*

**Сопоставьте методы визуализации деревьев с программами:**

А. FigTree	1. Простое визуальное представление
Б. iTOL	2. Интерактивное дерево в браузере
В. Dendroscope	3. Поддержка большого количества узлов
Г. MEGA	4. Построение и базовая визуализация

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–1, Б–2, В–3, Г–4

#### Задание 6

*Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:*

**Сопоставьте источники ошибок в филогенетике с их возможным следствием:**

- |                           |                           |
|---------------------------|---------------------------|
| А. Плохое выравнивание    | 1. Некорректные гомологии |
| Б. Неверная модель        | 2. Сдвиг топологии дерева |
| В. Горизонтальный перенос | 3. Ложное сближение видов |
| Г. Случайные мутации      | 4. Фоновый шум            |

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–1, Б–2, В–3, Г–4

### **Задание 7**

*Прочитайте задание и к каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:*

**Сопоставьте подходящие методы для анализа:**

- |                              |                                   |
|------------------------------|-----------------------------------|
| А. Филогеномика              | 1. Геномные данные                |
| Б. ДНК-штрихкодирование      | 2. Определение видов              |
| В. Метагеномика              | 3. Микробные сообщества           |
| Г. Бейесовская интерференция | 4. Статистический анализ деревьев |

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

А	Б	В	Г

**Правильный ответ:** А–1, Б–2, В–3, Г–4

## **II. Тестовые задания на установление правильной последовательности**

В каждом задании даны элементы, которые нужно расположить в логической или хронологической последовательности.

### **Задание 8**

*Прочитайте задание:*

**Расположите типы данных по степени сложности в анализе:**

- А. Один ген
- В. Митохондриальный геном
- С. Рибосомная РНК
- Д. Полный ядерный геном

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

A	C	B	D
---	---	---	---

### Задание 9

Прочитайте задание:

**Установите правильную последовательность классификации организмов по молекулярным данным:**

- A. Получение последовательности
- B. Сравнение с базой данных
- C. Определение вида
- D. Подбор маркера

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

D	A	B	C
---	---	---	---

### Задание 10

Прочитайте задание:

**Расположите стадии анализа метагеномных данных:**

- A. Сбор образцов
- B. Выделение ДНК
- C. Секвенирование
- D. Классификация организмов

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

A	B	C	D
---	---	---	---

### Задание 11

Прочитайте задание:

**Расположите этапы отбора молекулярного маркера:**

- A. Проверка универсальности
- B. Выбор региона
- C. Анализ вариабельности
- D. Подтверждение специфичности

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

B	A	C	D
---	---	---	---

### Задание 12

Прочитайте задание:

**Расположите этапы в работе с филогенетическим деревом:**

- A. Получение матрицы расстояний
- B. Построение дерева
- C. Проверка устойчивости узлов
- D. Интерпретация

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

A	B	C	D
---	---	---	---

### Задание 13

Прочитайте задание:

**Установите последовательность использования программ в типичном филогенетическом исследовании:**

- A. MUSCLE (выравнивание)
- B. jModelTest (модель эволюции)
- C. RAxML (анализ дерева)
- D. FigTree (визуализация)

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

A	B	C	D
---	---	---	---

### Задание 14

Прочитайте задание:

**Упорядочите этапы построения филогенетического дерева:**

- A. Выравнивание последовательностей
- B. Извлечение ДНК
- C. Построение дерева
- D. Секвенирование

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

B	D	A	C
---	---	---	---

### III. Тестовые задания комбинированного типа (с выбором одного или нескольких верных ответов из четырёх предложенных) и аргументацией

#### Задание 15

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Что из перечисленного наиболее критично при выборе гена для построения филогенетического дерева?**

- A. Длина гена
- B. Консервативность и эволюционная информативность
- C. Возможность амплификации
- D. Его функция в организме

Ответ: \_\_\_\_\_

Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ: B, C**

**Аргументация:** для анализа важна эволюционная информативность, то есть умеренное количество мутаций. Также амплификация гена — технически важный фактор. Функция гена не всегда коррелирует с его филогенетической полезностью.

#### Задание 16

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Какой из следующих программных пакетов НЕ используется для построения филогенетических деревьев?**

- A. MEGA
- B. Clustal Omega
- C. RAxML
- D. ImageJ

Ответ: \_\_\_\_\_

Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ: D**

**Аргументация: ImageJ** — программа для анализа изображений, не связана с молекулярной филогенетикой. Остальные программы — профильные.

#### Задание 17

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Что отражает длина ветви на филогенетическом дереве, построенном по молекулярным данным?**

- A. Количество потомков
- B. Количество мутаций / генетическую дистанцию
- C. Размер генома
- D. Скорость роста организма

Ответ: \_\_\_\_\_  
Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ: В**

**Аргументация:** Длина ветви обычно отражает количество накопленных изменений (мутаций) — это генетическая дистанция.

### Задание 18

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Что может привести к неправильному построению дерева эволюционных связей?**

- A. Горизонтальный перенос генов
- B. Использование консервативных генов
- C. Применение статистических методов
- D. Выровненные последовательности

Ответ: \_\_\_\_\_  
Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ: А**

**Аргументация:** Горизонтальный перенос генов нарушает вертикальную передачу наследственности и искажает истинные филогенетические связи.

### Задание 19

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Какая модель эволюции нуклеотидных последовательностей используется для корректного расчёта филогенетических деревьев?**

- A. Модель Джукса-Кантора
- B. Модель Брауна
- C. Модель Кимуры
- D. Модель Хьюкеля

Ответ: \_\_\_\_\_  
Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ: А, С**

**Аргументация:** Джукса-Кантора (Jukes-Cantor) и Кимуры (Kimura) — модели нуклеотидной эволюции, широко используемые в филогенетике. Остальные модели относятся к другим наукам.

### Задание 20

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Что такое бутстреп-анализ в контексте филогенетики?**

- A. Метод проверки надёжности ветвей дерева
- B. Способ ускорения анализа
- C. Программа для анализа экспрессии
- D. Способ уравнивания выборки

Ответ: \_\_\_\_\_

Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** А

**Аргументация:** Бутстреп-анализ проверяет надёжность (статистическую устойчивость) ветвей дерева путём повторного семплирования данных.

### **Задание 21**

*Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:*

**Какая информация может быть получена с помощью анализа филогенетических деревьев?**

- А. Путь горизонтального переноса генов
- В. Предполагаемое время дивергенции
- С. Механизм репликации
- Д. Уровень экспрессии генов

Ответ: \_\_\_\_\_

Аргументация \_\_\_\_\_

**Правильный ответ:** А, В

**Аргументация:** По дереву можно оценить время расхождения и выявить аномальные связи, указывающие на горизонтальный перенос.

## **IV. Тестовые задания открытого типа с эталонными ответами**

Вопросы направлены на проверку понимания ключевых понятий, методов и применения молекулярной филогенетики.

### **Задание 22**

*Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:*

**Что такое филогенетическое дерево и как оно отражает эволюционные отношения?**

**Ожидаемый ответ:** Филогенетическое дерево — это графическое представление эволюционных взаимоотношений между видами, генами или другими таксонами. Ветви дерева показывают путь эволюционного расхождения от общего предка, а узлы (разветвления) — моменты дивергенции. Длина ветви может отражать генетическую дистанцию или время. Пример: дерево приматов, показывающее расхождение человека и шимпанзе.

### **Задание 23**

*Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:*

**Какие гены используются у прокариот и почему?**

**Ожидаемый ответ:** Наиболее часто используется ген 16S рРНК, так как он:

- Высоко консервативен и присутствует у всех бактерий,
- Имеет как консервативные, так и переменные участки, позволяющие оценивать родственные отношения на разных таксономических уровнях,
- Хорошо аннотирован в базах данных (SILVA, RDP, Greengenes),

## Задание 24

*Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:*

### Что такое множественное выравнивание последовательностей?

**Ожидаемый ответ:** Это метод сопоставления нескольких последовательностей (ДНК, РНК или белков) для выявления гомологичных позиций. Корректное выравнивание необходимо для правильного построения филогенетического дерева, поскольку ошибки в выравнивании могут привести к неверной топологии дерева. Инструменты: Clustal Omega, MUSCLE, MAFFT.

## Задание 25

*Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:*

### Базы данных и онлайн-ресурсы

#### Ожидаемый ответ:

- GenBank (NCBI): крупнейшая база последовательностей. Источник данных для анализа.
- TreeBASE: база готовых филогенетических деревьев и выравниваний.
- ENSEMBL: содержит аннотированные геномы.
- BOLD: для кодирования видов по COI.

Используются для:

- Поиска и скачивания последовательностей.
- Сравнительного анализа.
- Репликации и валидации чужих исследований.
- Хранения собственных результатов.

## Задание 26

*Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:*

### Ортология и паралогия. Пример ошибок в анализе.

**Ожидаемый ответ:** Ортологи — гомологичные гены, возникшие в результате видообразования (разделения видов). Паралоги — гены, возникшие в результате дубликации гена внутри одного организма. Если исследователь ошибочно принимает паралог за ортолог, он может построить филогенетическое дерево, отражающее не эволюцию видов, а эволюцию генов после дубликации. Например, если в анализе гена гемоглобина выбрать разные паралогичные копии у человека и шимпанзе, то они могут показаться менее родственными, чем на самом деле, что приведет к искажённому дереву.

## Задание 27

*Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:*

### Важность выравнивания

**Ожидаемый ответ:** Выравнивание (alignment) обеспечивает сопоставление

гомологичных позиций в последовательностях. Ошибки выравнивания могут привести к:

- Ложным совпадениям (гомоплазия).
- Смещению кодонов и рамок считывания.
- Неверному дереву с ошибочными кладистическими связями.

Решения:

- Использовать автоматические алгоритмы (MUSCLE, MAFFT).
- Ручная коррекция в сомнительных участках.
- Отсечение плохо выровненных фрагментов.

### Задание 28

Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:

### Молекулярные часы

**Ожидаемый ответ:** это гипотеза о том, что мутации накапливаются с постоянной скоростью, позволяя использовать число различий между последовательностями для оценки времени дивергенции видов. Требуется калибровка по ископаемым данным или известным событиям. Ограничения: варьирующаяся скорость мутаций, влияние отбора.

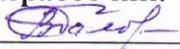
### Критерии оценки результатов тестирования

№	Тип задания	Критерии оценки	Результат оценивания
1	Задание закрытого типа на установление соответствия	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из четырех предложенных и аргументацией выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов

Процент результативности	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл (отметка)	Вербальный аналог
86 % - 100 %	ОПК-3, ОПК-4	5	отлично
71 % - 85 %		4	хорошо

51 % - 70 %		3	удовлетворительно
0 % - 50 %		2	неудовлетворительно

**Разработчик:**

  
\_\_\_\_\_  
(подпись)

профессор

В.П. Саловарова