



**МИНОБРНАУКИ РОССИИ**  
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
**«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»**  
ФГБОУ ВО «ИГУ»  
**Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики**



**Рабочая программа дисциплины**

Наименование дисциплины: Б1. В.17 «МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА»

Специальность: 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

Специализация: «Биоинженерия и биоинформатика»

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биологического-почвенного  
факультета  
Протокол № 5 от 24 марта 2025 г.  
Председатель Матвеев А.Н. Матвеев

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

Иркутск 2025 г.

## Содержание

	стр.
I. Цель и задачи дисциплины .....	3
II. Место дисциплины в структуре ОПОП .....	3
III. Требования к результатам освоения дисциплины .....	3
IV. Содержание и структура дисциплины .....	6
4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов	6
4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине .....	12
4.3 Содержание учебного материала .....	16
4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ .....	19
4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение в рамках самостоятельной работы студентов .....	22
4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов .....	24
4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов) .....	27
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины .....	27
а) перечень литературы .....	28
б) периодические издания .....	28
в) список авторских методических разработок .....	28
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы.....	28
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины .....	29
6.1. Учебно-лабораторное оборудование .....	29
6.2. Программное обеспечение .....	30
6.3. Технические и электронные средства обучения .....	30
VII. Образовательные технологии .....	30
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации .....	31

## I. Цели и задачи дисциплины:

**Цель:** формирование у студентов теоретических знаний и практических навыков по методам молекулярной филогенетики, включая построение филогенетических деревьев на основе молекулярных данных, оценку эволюционного родства и биоинформационные подходы к анализу последовательностей.

**Задачи:**

- Изучение теоретических основ молекулярной эволюции.
- Освоение методов построения и интерпретации филогенетических деревьев.
- Приобретение навыков работы с программным обеспечением для анализа последовательностей.
- Развитие умений интерпретировать результаты биоинформационического анализа

## II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО

2.1. Учебная дисциплина «Молекулярная филогенетика» изучается на 4 курсе, в 8 семестре.

2.2. Для успешного освоения дисциплины необходимы базовые знания по общей биологии, генетике, биохимии, молекулярной биологии, экологии, эволюционной биологии.

2.3. Перечень следующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: «ДНК метабаркодинг», «Геномный и метагеномный анализ», выполнение и написание ВКР.

## III. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Процесс освоения дисциплины направлен на формирование следующих элементов компетенций в соответствии с ФГОС ВО и ОПОП ВО по направлению подготовки 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

ПК-1: 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.

### Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с индикаторами достижения компетенций

Компетенция	Индикаторы компетенций	Результаты обучения
<i>ПК-1</i> 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	<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	<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

объектов, искусственных, организмов, а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам.		
	<p><i>ИДК ПК-1.2</i>  Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p><b>Знать:</b> виды и методы построения филогенетических деревьев, особенности применения филогенетического анализа для решения разных задач  <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>

## IV.СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

**Объем дисциплины составляет 2 зач. единицы, 72 ч., в том числе лекций 14 час, практических занятий 14 ч., самостоятельная работа-34ч.**

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий не менее 20% часов от аудиторной работы

**Форма промежуточной аттестации: зачет**

**4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов**

№ п/п	Раздел дисциплины/темы	Семestr	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)			Самостоятельная работа	Формы текущего контроля успеваемости; Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Лекции	Семинарс- кие /практическ- ие /лабораторн- ые занятия	Консуль- тации		
1	Тема 1. Введение в молекулярную филогенетику	8	8		2	2		4	Устный опрос, доклад-презентация

№ п/п	Раздел дисциплины/темы	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)			Формы текущего контроля успеваемости; Форма промежуточной аттестации (по семестрам)	
					Лекции	Семинарские /практические /лабораторные занятия	Консультации		
2	Тема 2. Типы молекулярных маркеров	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация
3	Тема 3. Выравнивание последовательностей	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация
4	Тема 4. Модели молекулярной эволюции	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация
5	Тема5. Построение филогенетических деревьев	8	10		2	2		6	Устный опрос, доклад-презентация

№ п/п	Раздел дисциплины/темы	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)			Формы текущего контроля успеваемости; Форма промежуточной аттестации (по семестрам)	
					Лекции	Семинарс кие /практическ ие /лабораторн ые занятия	Консуль тации		
6	Тема 6. Интерпретация деревьев и статистика	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация,
7	Тема 7. Современные программы и базы данных	8	8		2	2		4	Устный опрос, доклад-презентация

#### **4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине**

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
8	Тема 1. Введение в молекулярную филогенетику	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	1-2	4	Устный опрос, доклад-презентация	см. раздел 5
8	Тема 2. Типы молекулярных маркеров	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	3-4	5	Устный опрос, доклад-презентация	см. раздел 5
8	Тема 3. Выравнивание последовательностей	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	5-6	5	Устный опрос, доклад-презентация	см. раздел 5
8	Тема 4. Модели молекулярной эволюции	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	6-7	5	Устный опрос, доклад-презентация	см. раздел 5
8	Тема 5. Построение филогенетических деревьев	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	8-10	6	Устный опрос, доклад-презентация	см. раздел 5

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
8	Тема 6. Интерпретация деревьев и статистика	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	11-12	5	Устный опрос, доклад-презентация	см. раздел 5
8	Тема 7. Современные программы и базы данных	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	13-14	4	Устный опрос, доклад-презентация, , задачи	см. раздел 5
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – 34						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий (час) -6						

## **4.3 Содержание учебного материала**

### **Тема 1. Введение в молекулярную филогенетику**

Предмет и задачи молекулярной филогенетики. История развития филогенетики: от морфологических признаков к молекулярным данным. Понятие филогенетического дерева. Основные термины: узлы, кластеры, родственные таксоны. Различия между фенетикой и кладистикой. Преимущества молекулярной филогенетики. Области применения: систематика, экология, эволюционная биология. Применение молекулярной филогенетики в охране биоразнообразия.

### **Тема 2. Типы молекулярных маркеров**

Классификация маркеров: ядерные, митохондриальные, хлоропластные.

Гены рРНК (16S, 18S), белок-кодирующие гены, интроны и микросателлиты.

Критерии выбора маркеров: уровень консервативности, универсальность, доступность.

Примеры использования в разных группах организмов.

### **Тема 3. Выравнивание последовательностей**

Понятие гомологии и ортологии. Алгоритмы выравнивания: глобальное (Needleman-Wunsch), локальное (Smith-Waterman). Множественное выравнивание: принципы и сложности. Программы для выравнивания: Clustal Omega, MUSCLE, MAFFT.

### **Тема 4. Модели молекулярной эволюции**

Неравномерность замен: транзиции и трансверсии. Дистанции между нуклеотидными последовательностями и эволюционные модели. Модель Джукса-Кантора. Модель Кимуры. Модель Таджимы-Неи.

Другие эволюционные модели, их сравнительная характеристика. Гамма-дистанции. Синонимичные и несинонимичные дистанции, их отношение. Аминокислотные дистанции, матрицы вероятностей аминокислотных замещений. Учет делеций и отсутствующей информации. Выбор модели с использованием jModelTest, ModelTest.

### **Тема 5. Построение филогенетических деревьев**

Принципы и методы построения филогенетических деревьев. Дистанционные методы, их принципы. Метод UPGMA. Метод трансформированной дистанции. Метод минимума эволюции. Методы связей между соседями. Метод присоединения соседей. Установление длин ветвей. Методы анализа дискретных признаков, их принципы. Метод максимальной экономии. Метод максимального правдоподобия. Статистическая оценка деревьев. Бутстреп-анализ. Другие филогенетические методы, их сравнительная оценка. Применение филогенетического анализа в таксономии. Фенетика и кладистика.

### **Тема 6. Интерпретация деревьев и статистика**

Чтение и интерпретация деревьев: монофилия, парафилия, полифилия. Bootstrap, Bayesian Posterior Probability: различия и интерпретация. Тесты согласованности деревьев:

Kishino-Hasegawa, SH-test. Интерпретация опубликованных деревьев. Сравнение двух деревьев: анализ согласованности.

## Тема 7. Современные программы и базы данных

Базы данных: GenBank, TreeBASE, SILVA, BOLD. Обзор программ: MEGA, BEAST, MrBayes, RAxML. Принципы репозиториев и стандартов хранения данных. Создание проекта и анализ в MEGA. Сохранение, экспорт и аннотирование результатов.

### 4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

п/п	№ раздела и темы дисциплины	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (час.)		Оценочные средства	Формируемые компетенции* (индикаторы)		
			Всего часов	Из них практическая подготовка				
			2	3	4	5	6	7
1	Введение в молекулярную филогенетику	Анализ структуры филогенетического дерева. Работа с примерами деревьев: интерпретация топологии, определение ближайших родственников. Обзор типичных ошибок при построении деревьев	2		Устный опрос, доклад-презентация		<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>	
2	Типы молекулярных маркеров	Сравнение маркеров в GenBank. Выбор подходящих маркеров для анализа данных. Анализ примеров публикаций с разными типами маркеров.	2		Устный опрос, доклад-презентация		<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>	
3	Выравнивание последовательностей	Выполнение множественного выравнивания в Clustal Omega. Анализ качества выравнивания. Ручное редактирование и удаление неконсервативных регионов	2		Устный опрос, доклад-презентация		<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>	
4	Модели молекулярной эволюции	Подбор моделей для заданных выравниваний.	2		Устный опрос, доклад-презентация		<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i>	

		Интерпретация выходных данных jModelTest. Сравнение моделей по критериям AIC и BIC.				<b>ИДК ПК 1.3</b>
5	Построение филогенетических деревьев	Построение деревьев в MEGA: NJ, MP, ML. Интерпретация различий в полученных деревьях. Применение бутстрепа (100–1000 итераций).	2		Устный опрос, доклад-презентация	<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1 ИДК ПК 1.2 ИДК ПК 1.3</i>
6	Интерпретация деревьев и статистика	Интерпретация опубликованных деревьев. Сравнение двух деревьев: анализ согласованности. Работа с FigTree: оформление и аннотация деревьев.	2		Устный опрос, доклад-презентация	<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1 ИДК ПК 1.2 ИДК ПК 1.3</i>
7	Современные программы и базы данных	Загрузка последовательностей из GenBank. Создание проекта и анализ в MEGA. Сохранение, экспорт и аннотирование результатов.	2		Устный опрос, доклад-презентация задачи	<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1 ИДК ПК 1.2 ИДК ПК 1.3</i>

#### 4.3.2 Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение студентами в рамках самостоятельной работы (СРС)

Практически к каждому занятию студенты самостоятельно готовят доклад с презентацией по одной из выбранных тем. Темы выдаются преподавателем заранее (на предыдущем занятии) и согласовываются со всей группой. Во время самостоятельной теоретической подготовки к семинарскому занятию студент получает индивидуальную консультацию у преподавателя.

№ п/п	Тема	Задание	Формируемая компетенция	ИДК
1.	Введение в молекулярную филогенетику	Изучить материал по вопросам: Что изучает молекулярная филогенетика? В чем преимущества молекулярных методов перед морфологическими? Какие типы филогенетических деревьев существуют и какова их биологическая интерпретация?	ПК-1	<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1 ИДК ПК 1.2 ИДК ПК 1.3</i>
2	Типы молекулярных маркеров	Изучить материал по вопросам: Какие существуют типы молекулярных маркеров? Чем отличаются митохондриальные и ядерные маркеры?	ПК-1	<b>ПК-1</b> <i>ИДК ПК 1.1 ИДК ПК 1.2 ИДК ПК 1.3</i>

		Как выбрать оптимальный маркер для разных групп организмов?		
3	Выравнивание последовательностей	Изучить материал по вопросам: Что такое гомология и как она связана с выравниванием? Какие алгоритмы применяются для выравнивания? Чем отличается множественное выравнивание от парного?	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
4	Модели молекулярной эволюции	Изучить материал по вопросам Для чего применяются модели эволюции нуклеотидных последовательностей? Сравните модели JC69, K2P и GTR. Как осуществляется выбор модели?	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
5	Построение филогенетических деревьев	Изучить материал по вопросам Опишите принципы метода наименьших расстояний (Neighbor-Joining). В чем суть метода максимальной правдоподобности? Как оценивается достоверность ветвей? Что такое бутстреп-анализ?	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
6	Интерпретация деревьев и статистика	Изучить материал по вопросам: Что такое монофилия, парафилия и полифилия? Как определить, какие виды являются ближайшими родственниками? Что означает длина ветви в дереве?	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
7	Современные программы и базы данных	Изучить материал по вопросам: Опишите основные базы данных для молекулярной филогенетики. С какими типами данных работает программа MEGA? Какие преимущества у программ MrBayes и RAxML?	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>

#### **4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов**

Самостоятельная работа студентов по дисциплине «Молекулярная филогенетика» направлена на углубление знаний, развитие навыков аналитического мышления и овладение практическими инструментами анализа молекулярных данных. Работа включает теоретическое изучение, выполнение практических заданий и подготовку устных докладов и презентаций.

Формы организации:

- Изучение учебных и научных материалов по темам курса (учебники, статьи, онлайн-курсы, видео).
  - Подготовка презентаций и устных сообщений
  - Работа с базами данных: GenBank, BOLD, TreeBASE.
  - Самостоятельный выбор и анализ молекулярных маркеров.
  - Выполнение заданий по построению и интерпретации филогенетических деревьев.
  - Рекомендуемые средства:
    - Программы: MEGA, Clustal Omega, FigTree, jModelTest.
    - Онлайн-ресурсы: NCBI, EBI, Ensembl, SILVA, UniProt.
- Формы контроля:
- устный опрос;
  - защита презентации, ситуационные задачи.

### *Рекомендации по подготовке устного доклада*

*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. Страйтесь 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

### **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 скучный объем материала; презентация отсутствует или не соответствует требованиям. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют вопросам.		неудовлетворительно

### *Методические рекомендации по выполнению ситуационных задач*

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 задач.

Каждая ситуационная задача имеет структуру:

- описание ситуации (описание проблемы), связанной с будущей профессиональной деятельностью;

- вопросы;

Для ситуационных заданий обычно подбираются названия, которые отражают либо основное содержание ситуации, либо проблему, на решение которой ситуация направлена.

Решение ситуационных задач с использованием методов молекулярной филогенетики способствуют развитию практических навыков анализа реальных или приближенных к реальным ситуаций, умение применять теоретические знания для решения практических проблем.

### ***Рекомендации по выполнению задач***

1. Внимательное чтение условия  
Внимательно прочтите условие задачи, выделите ключевые данные и вопросы.
2. Анализ исходных данных  
Определите, какие данные и методы анализа нужны для решения задачи.
3. Выбор метода решения  
Обоснуйте выбор подходящего метода молекулярной филогенетики (например, метод максимального правдоподобия, соседний метод, байесовский анализ и т.д.).
4. Проведение анализа  
Опишите этапы выполнения анализа: выравнивание последовательностей, построение дерева, проверка достоверности.
5. Интерпретация результатов  
Сделайте выводы на основе полученных данных, оцените биологическое значение.
6. Аргументация и обоснование  
Все этапы решения должны быть обоснованы логически и научно.
7. Ответ:  
Ответ должен содержать анализ, решение, выводы.

### **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

#### **4.5.1. Примерная тематика курсовых работ (проектов)**

Курсовая работа не предусмотрена учебным планом

## **V. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **а) перечень литературы**

1. Островская Р.М. Генетика: учебное пособие / Р.М. Островская, В.И. Чемерилова. – Иркутск: Изд-во ИГУ, 2012. – 247 с. (70 экз )+
2. Щербаков Д.Ю. Актуальные проблемы современной генетики. Биоинформационные методы анализа биоразнообразия: учеб. пособие / Д. Ю. Щербаков, Р. В. Адельшин,

- М. В. Коваленкова// Иркутск: Изд-во ИГУ, 2018. - 119 с.- ISBN 978-5-9624-1600-7 (13экз)
3. Уилсон, К. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Электронный ресурс] / К. Уилсон, Дж Уолкер. - 2-е изд. - М: Бином. Лаборатория знаний, 2015. - 855 с. - (Методы в биологии). - Режим доступа: ЭБС "Издательство "Лань". - Неогранич. доступ. - ISBN 978-5-9963-2877-2.
  4. Коничев, А. С. Молекулярная биология [Текст]: учеб. для студ. вузов / А. С. Коничев, Г. А. Севастьянова. - 2-е изд., испр. - М.: Академия, 2005. - 398 с.: ил. ;(59 экз.).
  5. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М.: Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. -ISBN 978-5-94774-501-6 (8 экз)+
  6. Стефанов В.Е. Биоинформатика [Электронный ресурс]: учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. - Электрон. текстовые дан. - Москва: Юрайт, 2022. - 252 с. - ЭБС "Юрайт". - Неогранич. доступ. - ISBN 978-5-534-00860-9+
  7. Общая биология. уч. пособие для вузов/ В.П. Саловарова, И.Б. Книжин, О.В. Музалевская, О.А. Берсенева; ред. В.П. Саловарова. Иркутский гос. ун-т, Биол.- почв. фак. - - Иркутск: изд-во ИГУ, 2014. - 603с. ISBN 978-5-9624-1167-5 (54 экз).
  8. Приставка А.А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике. В 3 ч. Ч. 1. Белки: учеб.-метод. пособие / А.А. Приставка, В.П. Саловарова. – Иркутск: Изд-во ИГУ, 2013. – 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7 (69 экз.)
  9. Биология клетки. Физико-химические, структурно-функциональные и информационные основы [Текст]: учеб. пособие / Г. Ф. Жегунов [и др.]; ред. Г. Ф. Жегунов. - 5-е изд., стер. - М.: Ленанд, 2018. - 542 с. - ISBN 978-5-9710-4976-0 +
  10. Фаллер, Джеральд М. Молекулярная биология клетки [Текст]: руководство для врачей / Д. М. Фаллер, Д. Шилдс ; пер. с англ. И. Б. Збарского. - М.: Бином, 2016. - 256 с.: ил.; 26 см. - Пер. изд. : Molecular Basis of Medical Gell Biology / G. M. Fuller. - Stamford, 1998. – ISBN 978-5-9518-0436-5 (6 экз.).+
  11. Козлов Н.Н. Математический анализ генетического кода [Электронный ресурс] / Н. Н. Козлов. - Москва: Бином. Лаборатория знаний, 2015. - 215, [1] с. [1] с. - (Математическое моделирование). - Режим доступа: ЭБС "Издательство "Лань". - Неогранич. доступ. - Библиогр.: с. 203-213. - ISBN 978-5-9963-1103-3+

#### **б) периодические издания**

«Математическая биология и биоинформатика», «Биохимия», «Молекулярная биология», "Генетика", «Успехи современной биологии»

#### **в) список авторских методических разработок**

1. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике: учеб. -метод. пособие: в 3 ч. / А. А. Приставка, В. П. Саловарова// Иркутск: Изд-во ИГУ, Ч. 1: Белки. - 2013. - 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7. (71экз)
2. Физико-химические методы в биологии: учеб. пособие для вузов, / В. П. Саловарова [и др.]; ред. В. П. Саловарова // Иркутск: Изд-во ИГУ, 2013. - 295 с. - ISBN 978-5-9624-0806-4. (88экз).

#### **г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы**

1. <http://ensemblgenomes.org> – Ensembl, совместный научный проект Европейского института биоинформатики и Института Сэнгера, который

предоставляет интегрированный доступ к базам данных, касающихся строения геномов различных организмов.

2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/> – англоязычная текстовая база данных PubMed, содержащая цитаты, аннотации и ссылки на полные тексты публикаций биомедицинской и общебиологической направленности Национального центра биотехнологической информации США (NCBI).

3. <https://cyberleninka.ru> – российская научная электронная библиотека «КиберЛенинка».

4. <https://www.researchgate.net> – бесплатная социальная сеть ResearchGate для сотрудничества учёных всех научных дисциплин, включает такие сетевые приложения, как семантический поиск, совместное использование файлов, обмен публикациями, тематические форумы, методологические дискуссии и так далее.

5. <http://molbiol.ru> - нейтральная русскоязычная территория для тех, кто профессионально связан с биологией или молекулярной биологией.

6. <http://www.e-library.ru> -Научная Электронная Библиотека

7. <http://window.edu.ru>(<http://window.edu.ru> - Информационная система «Единое окно доступа к образовательным ресурсам»

8. <https://www.biblio-online.ru> -ЭБС «ЮРАЙТ».

9. <http://www.academia-moscow.ru> -ЭБ Издательского центра «Академия».

10. <http://tusearch.blogspot.com> - Поиск электронных книг, публикаций, законов, ГОСТов на сайтах научных электронных библиотек.

11. <https://scholar.google.com> -Google Scholar — поиск научной литературы, по ключевым словам.

12. **Science Research Portal** - Научная поисковая система, осуществляющая полнотекстовый поиск в журналах многих крупных научных издательств, таких как Elsevier, Highwire, IEEE, Nature, Taylor & Francis и др. Ищет статьи и документы в открытых научных базах данных: Directory of Open Access Journals, Library of Congress Online Catalog, Science.gov и Scientific News.

13. <https://www.semanticscholar.org> - Semantic Scholar — ИИ-поисковик по научным статьям

14. <https://www.genome.jp/kegg> - KEGG Pathways - Биохимические пути, метаболизм, гены

15. <http://www.rsl.ru> -РГБ Российская государственная библиотека

16. <http://ben.irex.ru> - БЕН Библиотека естественных наук

17. <http://www.gpntb.ru>- Государственная публичная научно-техническая библиотека

18. <http://ban.pu.ru> - БАН Библиотека Академии наук

19. <http://www.nlr.ru> -РНБ Российская национальная библиотека

20. <http://www.lib.msu.su> -Библиотека МГУ

21. <http://www.protein.bio.msu.ru/biokhimiya/index.htm> - Интернет-версия международного журнала по биохимии и биохимическим аспектам молекулярной биологии, биоорганической химии, микробиологии, иммунологии, физиологии и биомедицинских исследований. Статьи в pdf-формате.

22. <http://www.biengi.ac.ru/analyz.htm> - Биоинформатика в Центре «Биоинженерия» РАН

23. <http://www.bioinformatix.ru/> - Биоинформатика, геномика, протеомика, биософт, имэйджинг — портал по биоинформатике, имейджингу и биософту.

24. <http://www.ebi.ac.uk/> - база данных EMBL EBI (European Bioinformatics Institute).

25. <http://www.expasy.ch/> - система анализа белка Expasy (Expert Protein Analysis System, SwissProt, TrEMBL)

26. <http://www.iscb.org/> - Международное сообщество вычислительной биологии.
27. <http://www.matbio.org/> - электронный журнал «Математическая биология и биоинформатика».
28. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт NCBI (National Center Biotech Information)
29. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast> - программа выравнивания последовательностей BLAST (Basic Local Alignment Sequence Tool)
30. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/GenbankSearch.html> - база данных GenBank
31. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> - библиографическая база данных PUBMED
32. <http://www.protein.bio.msu.ru/biokhimiya/index.htm> - Интернет версия международного журнала по биохимии и биохимическим аспектам молекулярной биологии, биоорганической химии, микробиологии, иммунологии, физиологии и биоинформатике. Статьи в pdf-формате.
33. <http://www.rcsb.org/pdb/> - база данных по белкам PDB (Protein 3D Structure database)

## VI. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

### **6.1. Учебно-лабораторное оборудование:**

- Аудитория для проведения занятий лекционного типа. Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 12 посадочных мест; оборудована техническими средствами обучения: Проектор Epson EB-X03, Экран ScreenMedia, Доска аудиторная
- Аудитория для проведения занятий практического типа. Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 12 посадочных мест; оборудована техническими средствами обучения: Проектор Epson EB-X03, Экран ScreenMedia, Доска аудиторная меловая, магнитная, Лаборатория орган химии - Шкаф вытяжной АФ-221" - 2 шт., Химический шкаф (стеллаж) -1 шт., Лабораторный стол с выкатными тумбами – 5 шт., Холодильник «Минск» - 2шт., Аппарат для вертикального электрофореза – 1 шт., Вакуумный испаритель РВО-64 – 1 шт., Вольтметр ВУ-15 – 1 шт., Дезинтегратор УД-20 – 1 шт., Измеритель ионных сопротивлений (импеданса) - 1 шт., Источник питания для электрофореза "Эльф" – 1 шт., Осциллограф универсальный двухлучевой С-55 – 1 шт., Термостат ТС-80 – 1 шт., Центрифуга К-24 – 1 шт., Центрифуга МПВ-310 – 1 шт. Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт., весы аналитические HR-200 – 1 шт., весы лабораторные OHAUS – 2 шт., рефрактометр ИРФ 454Б2М – 1 шт., рефрактометр УРП – 1 шт., фотоэлектрокалориметр KF 77 – 1шт., центрифуга лабораторная ОПК-8 – 1 шт., центрифуга лабор-я, медицин-я, настольная ЦЛн 16 с микропроцессорной системой управления – 1 шт., спектрофотометр СФ-2000, ферментер Minifors Speco бактериальный – 1шт., термостат WB4MS водный /с перемешиванием/ - 1 шт., термостат ТС-1/80 СПУ – 1 шт., служащими для представления учебной информации по дисциплине «Молекулярная филогенетика» учебно-наглядными пособиями, обеспечивающими тематические иллюстрации по дисциплине в виде презентации.
- Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы. Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блокAthlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2

шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. с неограниченным доступом к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации.

- Помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Аудитория оборудована: специализированной мебелью на 8 посадочных мест; Вытяжной шкаф – 1шт., Ламинарный шкаф – 2 шт., Термостат ТС-80 – 2 шт., Лабораторный стол металлический – 3 шт., Лабораторный стол с резиновой поверхностью – 2 шт., Холодильник «Атлант» – 1шт. Микроскоп монокулярный – 8 шт, Микроскоп "Биолам"-1 шт., Стерилизатор паровой ВК-75 ПТ "ТЗМОИ" – 1шт., Пипетка автоматическая Ленпипет 0,5-10 м"-1 шт., Пипетка-дозатор"-1 шт., Микроскоп Levenhuk D870T трилокуляр"-1 шт., Проектор Оверхед"-1 шт., Проектор View Sonic"-1 шт., Проектор View Sonic"-1 шт., Ноутбук Lenovo"-2 шт., Принтер Brother -1 шт., Принтер Canon -1 шт.
- Лаборатория биохимии и биотехнологии  
Хроматограф жидкостный микроколоночный "Милихром-6"; Нанофотометр Pearl - 1шт; Ферментер Minifors Speco бактериальный-1шт.

## **6.2. Программное обеспечение:**

DreamSpark Premium Electronic Software Delivery (3 years) Renewal (Windows 10 Education 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Windows 7 Professional with Service Pack 1 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Windows Server 2008 Enterprise and Standard without Hyper-V with SP2 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Access 2016 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Access 2010 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine). Договор №03-016-14 от 30.10.2014г.

Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition. 250-499. Форус Контракт №04-114-16 от 14ноября 2016г KES. Счет №РСЦЗ-000147 и АКТ от 23ноября 2016г Лиц.№1B08161103014721370444.

Microsoft Office Enterprise 2007 Russian Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 43364238.

Microsoft Windows XP Professional Russian Upgrade Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 41059241.

Office 365 профессиональный плюс для учащихся. Номер заказа: 36dde53d-7cdb-4cad-a87f-29b2a19c463e.

## **6.3. Технические и электронные средства:**

Презентации по всем темам курса;

Система электронного тестирования на базе образовательного портала Educa;

Онлайн версии программ для выравнивания последовательностей и филогенетического анализа (BLAST, CLUSTAL, PhyML, T-Coffee, MUSCLE, COBALT)

## **VII.ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**

Для освоения дисциплины «Молекулярная филогенетика» применяются следующие образовательные технологии:

- *Информационная лекция* - это сжатое изложение основных научных фактов, что является базой для анализа рассуждений, оценок.
- *Лекция-визуализация*. Учит студентов преобразовывать устную и письменную информацию в визуальную форму, что формирует у них профессиональное

мышление за счет систематизации и выделения наиболее значимых, существенных элементов содержания обучения. Задача преподавателя использовать такие формы наглядности, которые не только дополняют словесную информацию, но и сами являются носителями информации (схемы, рисунки, слайды-презентации, и т.п.). Этот вид лекции лучше всего использовать на этапе введения студентов в новый раздел, тему дисциплины.

- *Практические занятия* – это занятие, проводимое под руководством преподавателя в учебной аудитории, направленное на углубление научно-теоретических знаний и овладение определенными методами самостоятельной работы, которое формирует практические умения. Одной из форм практических занятий в вузе является семинар.
- *Самостоятельная работа студентов* (см. п.4.4).
- *Дистанционные образовательные технологии*. Под дистанционными образовательными технологиями понимаются образовательные технологии, реализуемые в основном с применением информационно-телекоммуникационных сетей. При освоении дисциплины «Молекулярная филогенетика» используется компьютерные сетевые технологии (интернет-технологии) – способ дистанционной передачи информации, основанный на использовании глобальных и локальных компьютерных сетей для обеспечения доступа обучающихся к информационным образовательным ресурсам и для формирования совокупности методических, организационных, технических и программных средств реализации и управления учебным процессом независимо от места нахождения его субъектов. Для организации дистанционного обучения на основе этих технологий используется специализированное программное средство - образовательный портал ИГУ ([educaisu.ru](http://educaisu.ru)).

## **VIII.ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

### **1. Оценочные материалы текущего контроля**

Оценочные материалы текущего контроля формируются в соответствии с ЛНА университета.

В рамках дисциплины «Молекулярная филогенетика» используются следующие формы текущего контроля:

- устный опрос;
- устный доклад, презентация;
- решение ситуационных задач

#### **1.1. 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?

## 1.2. Темы докладов

2. История и развитие молекулярной филогенетики
3. Методы выравнивания последовательностей: обзор и применение
4. Молекулярные маркеры в филогенетике: виды и выбор
5. Построение филогенетических деревьев: алгоритмы и программы
6. Молекулярные часы и оценка времени эволюционных событий
7. Геномика и филогенетика: интеграция данных
8. Филогенетика вирусов и микробов: особенности и вызовы
9. Реконструкция древних эволюционных событий с помощью молекулярных данных
10. Сравнительный анализ филогенетических методов: максимальное правдоподобие, байесовские методы, соседний метод
11. Филогенетика и систематика: современные подходы и проблемы
12. Применение молекулярной филогенетики в биомедицине
13. Эволюция белков и нуклеиновых кислот в контексте филогенетики
14. Программное обеспечение для молекулярной филогенетики: обзор и сравнение
15. Роль горизонтального переноса генов в эволюции и филогенетике
16. Анализ филогенетических деревьев: методы оценки достоверности
17. Молекулярная филогенетика в изучении биоразнообразия и охране природы
18. Филогенетические методы в палеонтологии и эволюционной биологии
19. Филогенетика человека: происхождение и миграции
20. Использование молекулярной филогенетики в судебной экспертизе и криминалистике
21. Этические вопросы и перспективы развития молекулярной филогенетики

## 1.3. Примеры ситуационных задач

### Задача 1: Выбор молекулярного маркера

#### Ситуация:

Исследователь хочет изучить филогению различных видов бактерий, разделившихся примерно 2–3 миллиарда лет назад. Он рассматривает использование 16S рРНК или гена lacZ в качестве маркера.

#### Вопрос:

*Какой из этих маркеров будет более подходящим для глубокого филогенетического анализа и почему?*

#### Правильный ответ:

16S рРНК — более подходящий маркер, так как этот ген медленно эволюционирует и

консервативен, что позволяет отслеживать глубокие филогенетические связи между древними таксонами. Ген lacZ эволюционирует быстрее и подходит для более близкородственных видов.

### **Задача 2: Интерпретация дерева**

#### **Ситуация:**

На филогенетическом дереве вы видите, что виды А и В образуют сестринскую кладу, а вид С отстоит от них на отдельной ветви. У узла, объединяющего А и В, высокий bootstrap-уровень (95%).

#### **Вопрос:**

*Что это говорит о родстве между этими тремя видами?*

#### **Правильный ответ:**

Виды А и В являются более близкими родственниками друг к другу, чем к виду С. Высокий bootstrap-уровень (95%) подтверждает надежность этой клады и говорит о высокой уверенности в таком расположении узлов.

## **2. Оценочные средства для промежуточной аттестации**

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

### **2.1. Вопросы для зачета**

1. Определение молекулярной филогенетики и её основные цели
2. Молекулярные маркеры и методы их анализа
3. Какие молекулярные маркеры наиболее часто используются в филогенетических исследованиях и почему?
4. Что такое микросателлиты и как они используются в молекулярной филогенетике?
5. Объясните принцип работы метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и его роль в молекулярной филогенетике.
6. Что такое филогенетическое дерево и какие методы используются для его построения?
7. Какие основные этапы включает в себя процесс секвенирования ДНК?
8. Как молекулярные данные помогают в реконструкции эволюционных деревьев?
9. Что такое молекулярные часы и как они используются для оценки времени расхождения видов?
10. Объясните различия между методами максимальной вероятности и байесовским методом в филогенетическом анализе.
11. Какие биоинформационные инструменты и базы данных применяются для анализа филогенетических данных?
12. Что такое гомология и как она используется для реконструкции эволюционных связей?
13. Какие основные принципы лежат в основе синтетической теории эволюции и как молекулярная филогенетика способствует её развитию?
14. Какие молекулярные маркеры используются для оценки генетического разнообразия популяций?
15. Объясните роль горизонтального переноса генов в молекулярной эволюции и его влияние на филогенетические исследования.
16. Какие методы используются для оценки времени расхождения видов?
17. Что такое филогенетический анализ?

18. Как молекулярная филогенетика способствует уточнению систематики и классификации организмов?
19. Какие методы молекулярной филогенетики применяются для изучения филогеографии видов?
20. Как молекулярная филогенетика используется в охране биоразнообразия?

## 2.2. Примеры тестовых заданий

**1.** Задания закрытого типа на установление соответствия. В каждом задании нужно сопоставить элементы из двух списков. *Сопоставьте методы выравнивания последовательностей с их характеристиками:*

- |                  |                                                                      |
|------------------|----------------------------------------------------------------------|
| А. Clustal Omega | 1. Высокая скорость, подходит для большого числа последовательностей |
| Б. MUSCLE        | 2. Точное выравнивание, подходит для белков                          |
| В. MAFFT         | 3. Использует итеративное улучшение качества                         |
| Г. T-Coffee      | 4. Объединяет результаты нескольких методов                          |

Запишите выбранные цифры под соответствующими буквами:

A	Б	В	Г

**Правильный ответ:**

A	Б	В	Г
1	3	2	4

**2.** Задания закрытого типа на установление правильной последовательности. В каждом задании даны элементы, которые нужно расположить в логической или хронологической последовательности. Упорядочите этапы построения филогенетического дерева:

- А. Выравнивание последовательностей
- В. Извлечение ДНК
- С. Построение дерева
- Д. Секвенирование

Ответ

--	--	--	--

**Правильный ответ:**

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

**3.** Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов с аргументацией выбора. Какой из указанных методов чаще всего используется для построения филогенетических деревьев на основе нуклеотидных последовательностей? (выберите один или несколько верных вариантов)

- А. Метод максимального правдоподобия
- Б. Метод наименьших квадратов
- С. Метод соседних соединений (Neighbor-Joining)
- Д. Метод главных компонент (PCA)

Ответ: \_\_\_\_\_

Аргументация\_\_\_\_\_

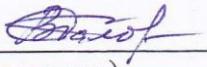
**Правильный ответ:** А, С

**Аргументация:** Методы максимального правдоподобия и Neighbor-Joining широко применяются в молекулярной филогенетике. РСА используется для визуализации, но не для построения деревьев. Метод наименьших квадратов не является основным в этой области.

**4. Задания открытого типа с развернутым письменным ответом. 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

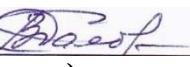
Разработчики:

  
(подпись)

профессор, зав. кафедрой      В.П. Саловарова

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика».

Программа рассмотрена на заседании кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики 19.03.2025 г. протокол № 12.

Зав. кафедрой, д.б.н., профессор В.П. Саловарова 

***Настоящая программа, не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы.***