



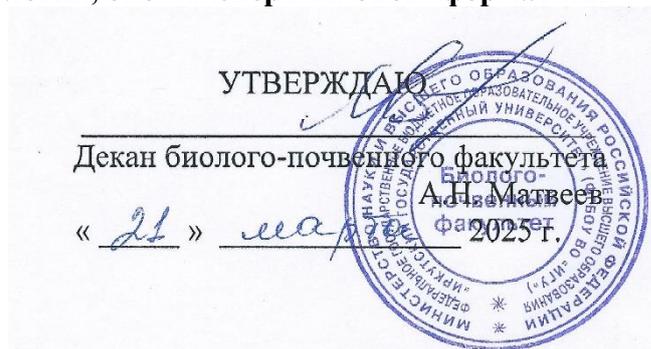
МИНОБРНАУКИ РОССИИ

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»

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

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

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 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.....	
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 (модуля):

Цель: Изучение молекулярных методов анализа филогенетических отношений между организмами, освоение современных подходов к построению филогенетических деревьев и их применению в различных областях биологии

Задачи:

- Ознакомление с основными молекулярными маркерами и методами их анализа.
- Изучение принципов построения филогенетических деревьев.
- Освоение программного обеспечения для анализа молекулярных данных.
- Применение молекулярной филогенетики в систематике, эволюции и охране биоразнообразия.

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 клетки, экологии, эволюционной биологии.

2.3. Перечень последующих 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	<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	Знать: основные понятия молекулярной филогенетики, эволюционные модели, концепцию молекулярных часов, закон необратимости биологической эволюции, программы для эволюционного анализа; Уметь: ориентироваться в существующих филогенетических системах; Владеть: способностью формировать суждения по эволюционным

<p>и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов, а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам.</p>		<p>проблемам, используя современные образовательные и информационные технологии</p>
	<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>Знать: виды и методы расчета генетических дистанций, виды, топологию и методы построения филогенетических деревьев, особенности применения филогенетического анализа для решения разных задач Уметь: работать с базами генетических данных, проводить филогенетический анализ данных с использованием специализированных программ Владеть: 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>Знать: основные биологические базы данных, содержащие геномную, структурную и другую информацию; Уметь: проводить филогенетический анализ данных с использованием специализированных программ и применять его для решения разных задач; Владеть: способностью использовать биологические базы данных и 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., из них 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	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)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися			Самостоятельная работа	
					Лекции	Семинарские /практические /лабораторные занятия	Консультации		
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)			Самостоятельная работа	Формы текущего контроля успеваемости; Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися				
					Лекции	Семинарские /практические /лабораторные занятия	Консультации		
2	Тема 2. Выравнивание генетических последовательностей	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация
3	Тема 3. Компьютерные программы для эволюционного анализа	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация
4	Тема 4. Генетические дистанции и эволюционные модели	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация
5	Тема 5. Филогенетические деревья. Топология дерева. Виды 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)			Самостоятельная работа	Формы текущего контроля успеваемости; Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися				
					Лекции	Семинарские /практическое /лабораторные занятия	Консультации		
6	Тема 6. Анализ молекулярных часов	8	9		2	2		5	Устный опрос, доклад-презентация ,
7	Тема 7. Применение филогенетического анализа для решения отдельных задач	8	8		2	2		4	Устный опрос, доклад-презентация, контрольные вопросы, тесты, задачи

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. Выравнивание генетических последовательностей	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. Компьютерные программы для эволюционного анализа	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. Генетические дистанции и эволюционные модели	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

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
8	Тема5.Филогенетические деревья. Топология дерева. Виды 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
8	Тема 6. Анализ молекулярных часов	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	Тема7.Применение филогенетического анализа для решения отдельных задач	Изучение лекционного материала с использованием конспектов, электронных материалов и рекомендуемой литературы, подготовка к практическому занятию, устному опросу.	13-14	4	Устный опрос, доклад-презентация, контрольные вопросы, тесты, 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) -12						

4.3 Содержание учебного материала

Тема 1. Введение в молекулярную филогенетику

Предмет и задачи молекулярной филогенетики. История развития дисциплины. Молекулярные маркеры и методы их анализа. Типы молекулярных маркеров: митохондриальная ДНК, ядерная ДНК, микросателлиты и др. Роль молекулярной филогенетики в систематике и классификации организмов. Использование молекулярных данных для изучения эволюции и филогеографии. Применение молекулярной филогенетики в охране биоразнообразия.

Тема 2. Выравнивание генетических последовательностей

Понятие о выравнивании генетических последовательностей, его цели и принципы. Алгоритмы выравнивания последовательностей. Принцип матрицы точек. Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермена. Глобальное и локальное выравнивание. Принципы динамического программирования при выравнивании последовательностей. Методы слов. Множественное выравнивание.

Тема 3. Компьютерные программы для эволюционного анализа

Типы компьютерных программ. Программы для хранения и редактирования последовательностей. Международные базы генетических данных. Программы для выравнивания последовательностей. Программы для филогенетического анализа.

Тема 4. Генетические дистанции и эволюционные модели

Генетические дистанции: наблюдаемые, истинные и расчетные. 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.

Тема 5. Филогенетические деревья. Топология дерева. Виды 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. Анализ молекулярных часов

Концепция молекулярных часов. Установление и калибровка молекулярных часов. Тест относительных скоростей эволюции. Различные подходы к установлению молекулярных часов. Несоблюдение молекулярных часов, их причины и проблемы филогенетического анализа. Анализ молекулярных часов в разных группах организмов: высших организмов, вирусов.

Тема 7. Применение филогенетического анализа для решения отдельных задач

Анализ митохондриальной ДНК. Митохондриальная ДНК: особенности строения, наследования и эволюции. Особенности эволюционного анализа митохондриальной ДНК. Концепция митохондриальной Евы и использование анализа мтДНК при изучении происхождения человека.

Молекулярная эпидемиология. Задачи и принципы молекулярной эпидемиологии. Установление источника заражения. Анализ эпидемиологических сетей. Молекулярные часы в эволюции ВИЧ-1.

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	Предмет и понятия молекулярной филогенетики	Задачи молекулярной эволюции как науки. Эволюция нуклеотидной последовательности. Консенсусные последовательности. Эволюционная систематика. Проведение эволюционного анализа.	2		Устный опрос, доклад-презентация	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
2	Выравнивание генетических последовательностей	Алгоритмы парного выравнивания последовательностей. Множественное выравнивание последовательностей.	2		Устный опрос, доклад-презентация	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
3	Компьютерные программы для эволюционного анализа	Программы для хранения и редактирования последовательностей.	2		Устный опрос, доклад-презентация	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>

		Международные базы генетических данных. Программы для выравнивания последовательностей. Программы для филогенетического анализа				
4	Генетические дистанции и эволюционные модели	Модель Джукса-Кантора, модель Кимуры, модель Таджимы-Неи.	2		Устный опрос, доклад-презентация	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
5	Филогенетические деревья. Топология дерева. Виды деревьев	Принципы методов анализа дискретных признаков, метод максимальной экономии, метод максимального правдоподобия. Статистическая оценка дерева, бутстреп-анализ. Филогенетический анализ в таксономии, фенетика и кладистика.	2		Устный опрос, доклад-презентация КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
6	Анализ молекулярных часов	Анализ молекулярных часов в разных группах организмов.	2		Устный опрос, доклад-презентация	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
7	Применение филогенетического анализа для решения отдельных задач	Построение сетей гаплотипов мтДНК с использованием программы Network.	2		Устный опрос, доклад-презентация КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>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.	Предмет и понятия молекулярной филогенетики	Изучить теоретический материал по вопросам: Мутации. Нуклеотидные замены. Эволюция нуклеотидной последовательности»	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
2	Выравнивание генетических	Изучить теоретический материал по вопросам:	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i>

	последовательностей	Принципы выравнивания последовательностей.		<i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
3	Компьютерные программы для эволюционного анализа	Изучить теоретический материал по вопросам: Типы компьютерных программ. Программы для хранения и редактирования последовательностей. Программы для выравнивания последовательностей. Программы для филогенетического анализа	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
4	Генетические дистанции и эволюционные модели	Изучить теоретический материал по вопросам: Наблюдаемые, истинные и расчетные дистанции. Эволюционные модели и дистанции между нуклеотидными последовательностями: Аминокислотные дистанции, матрицы вероятностей аминокислотных замещений. Учет делеций и отсутствующей информации	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
5	Филогенетические деревья. Топология дерева. Виды деревьев	Изучить теоретический материал по вопросам: Дистанционные методы построения филогенетических деревьев: принципы дистанционных методов, метод UPGMA, метод трансформированной дистанции, метод минимума эволюции, метод ближайших соседей, установление длин ветвей	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
6	Анализ молекулярных часов	Изучить теоретический материал по вопросам: Установление и калибровка молекулярных часов» и «Различные подходы к установлению молекулярных часов	ПК-1	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
7	Применение филогенетического анализа для решения отдельных задач	Изучить теоретический материал по вопросам: Особенности эволюционного анализа митохондриальной ДНК	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 преследует следующие цели:

- совершенствование навыков самообразовательной работы как основного пути повышения уровня образования;
- углубление и расширение знаний по предмету.

По дисциплине «Молекулярная филогенетика» предлагаются следующие формы самостоятельной работы:

- а) Углубленный анализ научно-методической литературы и изучение учебного материала, предусмотренного рабочей программой;
- б) подготовка к контрольному опросу на практических занятиях;
- в) подготовка устных докладов с презентацией;
- г) подготовка к тестированию

Письменные работы. Для самостоятельного изучения тем рекомендуется использовать основную и дополнительную литературу, а также источники, найденные при помощи информационно-справочных и поисковых платформ. Для закрепления материала рекомендуется делать краткие конспекты по теме.

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.

Критерии оценивания устного доклада:

- Оценка «отлично». В докладе полностью раскрыта тема, проанализировано современное состояние вопроса; студент свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, соблюдая основные правила культуры речи. Доклад сопровождается презентацией, которая отражает основные положения доклада, презентация составлена грамотно с соблюдением общих требований, правил шрифтового оформления, подачи графического материала, имеются ссылки на приведенные фото, рисунки, схемы и т.д., приводится список использованной литературы. При обсуждении доклада студент дает исчерпывающие, аргументированные, корректные ответы на вопросы.

- Оценка «хорошо». Тема раскрыта, приведено достаточное количество материала, но при этом материал в недостаточной степени проанализирован автором. Презентация не в полной степени соответствует общим требованиям. Ответы студента не на все вопросы являются исчерпывающими и аргументированными.

- Оценка «удовлетворительно». Тема раскрыта не полно, материал приведен как простая констатация фактов, не проанализирован, студент показывает поверхностные знания. Презентация частично соответствует установленным требованиям. При обсуждении доклада студент не всегда дает правильные, исчерпывающие ответы на задаваемые вопросы.

- Оценка «неудовлетворительно». Тема доклада не раскрыта, скудный объем приведенных материалов; презентация отсутствует. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют заданным вопросам.

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.

Содержание и форма отчета по практической работе

Отчет по практической работе должен включать следующие разделы:

1. НАЗВАНИЕ РАБОТЫ
2. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ РАБОТЫ
3. ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ

В данном разделе приводятся характеристики исследуемого объекта в соответствии с индивидуальным заданием, дается перечень использованных в работе компьютерных программ, иных электронных ресурсов и баз данных; описание методик. Не следует включать материалы, не использованные в работе.

4. РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В данном разделе приводятся результаты работы в виде таблиц, рисунков и схем. Дается обсуждение результатов работы: адекватность результатов поставленным задачам, интерпретация результатов с позиции основных биологических теорий и т.д.

5. ВЫВОДЫ

4.5. 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. Коницев, А. С. Молекулярная биология [Текст]: учеб. для студ. вузов / А. С. Коницев, 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. Швьадаса. - 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 Cell 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

«Успехи современной биологии»-<https://sciencejournals.ru/journal/uspbio/>;
 «Nature»- <https://www.nature.com/>, «Математическая биология и биоинформатика»,
 «Биохимия», «Молекулярная биология», «Генетика»"

в) список авторских методических разработок:

г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

1. <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.
2. <http://www.6years.net/index.php> - портал бесплатной медицинской информации, содержит большое количество книг, учебных пособий биохимической направленности.
3. <http://www.chemexper.com/> - поиск химических соединений в различных базах данных
4. <http://www.dmb.biophys.msu.ru> - Информационная система «Динамические модели в биологии», рассчитанная на широкий круг пользователей, включает в себя гипертекстовые документы и реляционные базы данных и обеспечивает унифицированный доступ к разнообразной информации по данной предметной области.
5. <http://www.elibrary.ru/defaultx.asp> - Научная электронная библиотека, крупнейший российский информационный портал в области науки, технологии, медицины и образования, содержащий рефераты и полные тексты более 12 млн научных статей и публикаций.

6. <http://www.tusearch.blogspot.com> - Поиск электронных книг, публикаций, законов, ГОСТов на сайтах научных электронных библиотек. В поисковике отобраны лучшие библиотеки, в большинстве которых можно скачать материалы в полном объеме без регистрации. В список включены библиотеки иностранных университетов и научных организаций.
7. <http://www.biengi.ac.ru/analyz.htm> - Биоинформатика в Центре «Биоинженерия» РАН
8. <http://www.bioinformatix.ru/> - Биоинформатика, геномика, протеомика, биософт, имейджинг — портал по биоинформатике, имейджингу и биософту.
9. <http://www.ebi.ac.uk/> - база данных EMBL EBI (European Bioinformatics Institute).
10. <http://www.expasy.ch/> - система анализа белка ExPASy (Expert Protein Analysis System, SwissProt, TrEMBL)
11. <http://www.iscb.org/> - Международное сообщество вычислительной биологии.
12. <http://www.matbio.org/> - электронный журнал «Математическая биология и биоинформатика».
13. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт NCBI (National Center Biotech Information)
14. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast> - программа выравнивания последовательностей BLAST (Basic Local Alignment Sequence Tool)
15. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/GenbankSearch.html> - база данных GenBank
16. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> - библиографическая база данных PUBMED
17. <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.
18. <http://www.rcsb.org/pdb/> - база данных по белкам PDB (Protein 3D Structure database)
19. <http://www.rusbiotech.ru/> - Российские биотехнологии и биоинформатика
20. molbiol.ru - российский сервер с большим количеством справочной информации по биоинформатике на русском языке.
21. ЭБС «Издательство Лань». Адрес доступа <http://e.lanbook.com/>
22. ЭБС «Руконт». Адрес доступа <http://rucont.ru/>
23. ЭБС «Айбукс». Адрес доступа <http://ibooks.ru>
24. ЭБС «Юрайт». Адрес доступа: <http://biblio-online.ru/>

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 ОНАУС – 2 шт., рефрактометр ИРФ 454Б2М – 1 шт., рефрактометр УРП – 1 шт., фотоэлектрокалориметр КФ 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 Spesco 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 блок Athlon 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 D870Т тринокуляр"-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 Spesco 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. Форум Контракт №04-114-16 от 14ноября 2016г KES. Счет №РСЦЗ-000147 и АКТ от 23ноября 2016г Лиц.№1В08161103014721370444.

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.
- *Семинар-исследование*. Технология проведения такого семинара может быть различной, в зависимости от того, какой метод заложен в его основу. В рамках дисциплины «Молекулярная филогенетика» проводится семинар с подготовкой и заслушиванием докладов –презентаций по актуальным проблемам теории и практики и последующим их обсуждением.
- *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 (educa.isu.ru).

VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

Вопросы для входного контроля

1. Основные гипотезы происхождения генов.
2. Генетический код и его свойства.
3. Разновидности хромосомных и геномных мутаций
4. «Закон гомологических рядов». Наследственное варьирование признаков
5. Методы определения первичной структуры белка
6. Методы изучения экспрессии генов: Нозерн- и Вестерн-блоттинги
7. Центральная догма молекулярной биологии: классические и современные представления.
8. Общие закономерности эволюционного процесса и движущие силы эволюции;
9. Синтетическая теория эволюции. Концепция вида, его критерии;
10. Биологический прогресс и биологический регресс. Доказательства эволюции.

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 доклад, презентация;
- контроль самостоятельной работы.

Фонд оценочных средств включает:

- контрольные вопросы;
- перечень тем докладов;
- тесты
- задачи

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенции ПК-1 (см. п. III). Студенты, не выполнившие требования текущего контроля или получившие итоговую оценку текущей успеваемости «не удовлетворительно», считается имеющим текущую задолженность. Обучающиеся, имеющие задолженности, должны ликвидировать их не позднее, чем за неделю до начала промежуточной аттестации.

Перечень вопросов для текущего контроля

1. Какие цели и задачи молекулярной филогенетики как науки?
2. В чем заключается концепция молекулярных часов?
3. Как проводится эволюционный анализ?
4. Какие молекулярные маркеры наиболее часто используются для изучения филогенетических отношений?
5. Как молекулярные данные помогают в реконструкции эволюционных деревьев?
6. Какие принципы выравнивания последовательностей?
7. Приведите примеры алгоритмов парного и множественного выравнивания последовательностей.
8. В чем их сходство и различия?
9. Чем отличается глобальное выравнивание от локального?
10. Выполните сравнение эволюционных моделей Джукса-Кантора, Кимуры и Таджимы-Ней? В чем их сходство и различие?

11. Что такое филогенетическое дерево? Дайте определение основных частей дерева?
12. Какие существуют методы построения молекулярных филогенетических деревьев?
13. Что такое бутстреп-анализ?
14. В чем заключается анализ нуклеотидного и аминокислотного состава?
15. В чем заключается анализ молекулярных часов?
16. Что включает анализ митохондриальной ДНК?
17. Какие типы компьютерных программ используются для эволюционного анализа?
18. Какие программы используются для хранения и редактирования генетических данных?
19. Приведите примеры программ для выравнивания последовательностей и для филогенетического анализа?
20. Объясните принцип работы метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и его роль в молекулярной филогенетике.
21. Объясните различия между митохондриальной и ядерной ДНК в контексте филогенетических исследований.
22. Что такое микросателлиты и как они используются в молекулярной филогенетике?
23. Как молекулярная филогенетика способствует уточнению систематики и классификации организмов?
24. Какие методы молекулярной филогенетики применяются для изучения филогеографии видов?
25. Как молекулярная филогенетика используется в охране биоразнообразия?

Перечень тем докладов-презентаций

1. Методы филогенетического анализа. Метод минимальной эволюции. Метод максимальной экономичности. Метод максимального правдоподобия.
2. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа.
3. Эволюционное дерево и теория графов. Клада, таксон и узел.
4. Основные подходы к филогенетическому анализу. Критерии филогенетического анализа
5. Основные этапы и методы филогенетического анализа. Методы расстояний. Алгоритм объединения соседей.
6. Методы филогенетического анализа. Метод минимальной эволюции. Метод максимальной экономичности. Метод максимального правдоподобия.
7. Программа трансляции последовательности, рамки считывания
8. Программы поиска гомологичных последовательностей
9. Особенности молекулярной эволюции вирусов.
10. Молекулярная филогенетика паразито-хозяйинных отношений.
11. Молекулярная филогенетика и происхождение жизни.
12. Молекулярная филогенетика и горизонтальный перенос генетической информации.
13. Особенности использования разных видов маркеров для реконструкции филогений.
14. Молекулярная систематика

Тесты для текущей аттестации

1. Что такое молекулярная филогенетика?

- a) Наука, изучающая молекулы ДНК и их функции.
- +b) Раздел биологии, исследующий эволюционные связи между организмами с использованием молекулярных данных.
- c) Метод анализа белков для определения их структуры.

2. Какие молекулярные маркеры наиболее часто используются в филогенетических исследованиях?

- a) Микросателлиты.
- +b) Рибосомальная РНК.
- c) Митохондриальная ДНК.

3. Какой метод используется для амплификации специфических участков ДНК?

- a) Электрофорез.
- +b) Полимеразная цепная реакция (ПЦР).
- c) Секвенирование.

4. Что такое филогенетическое дерево?

- +a) Графическое представление эволюционных связей между видами.
- b) Схема, показывающая распределение видов по географическим регионам.
- c) Диаграмма, отображающая генетическое разнообразие внутри популяции.

5. Какой метод используется для определения последовательности нуклеотидов в ДНК?

- a) Полимеразная цепная реакция.
- +b) Секвенирование.
- c) Гибридизация.

6. Что такое молекулярные часы?

- +a) Метод определения времени расхождения видов на основе молекулярных данных.
- b) Техника измерения скорости репликации ДНК.
- c) Инструмент для анализа частоты мутаций в геноме.

7. Какие методы используются для построения филогенетических деревьев?

- +a) Метод максимального правдоподобия.
- b) Метод наименьших квадратов.
- c) Метод наибольшей вероятности.

8. Что такое гомология в контексте молекулярной филогенетики?

- a) Сходство последовательностей ДНК, возникшее в результате конвергенции.
- +b) Сходство последовательностей ДНК, возникшее в результате дивергенции от общего предка.
- c) Различия в последовательностях ДНК, возникающие из-за мутаций.

9. Какие биоинформатические инструменты используются для анализа филогенетических данных?

- +a) BLAST.
- b) Excel.
- c) Photoshop.

10. Что такое молекулярная эволюция?

- +a) Изучение изменений в молекулярных структурах, приводящих к эволюции видов.
- b) Процесс синтеза молекул в клетке.
- c) Изучение влияния внешних факторов на молекулы ДНК.

11. Какие молекулярные маркеры используются для оценки генетического разнообразия популяций?

- +a) Микросателлиты.
- b) Рибосомальная РНК.
- c) Митохондриальная ДНК.

12. Что такое горизонтальный перенос генов?

- a) Передача генов от родителей к потомству.
- b) Передача генов между особями одного вида.
- +c) Передача генов между различными видами.

13. Какие методы используются для оценки времени расхождения видов?

- a) Секвенирование ДНК.
- +b) Метод молекулярных часов.
- c) Метод радиоуглеродного датирования.

14. Что такое филогенетический анализ?

- a) Метод определения последовательности нуклеотидов в ДНК.
- +b) Метод изучения эволюционных связей между видами.
- c) Метод оценки генетического разнообразия популяций.

15. Какие методы используются для построения филогенетических деревьев?

- +a) Метод максимального правдоподобия.
- b) Метод наименьших квадратов.
- c) Метод наибольшей вероятности.

Ситуационные задачи

Задача 1: Анализ филогенетических отношений между видами

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: 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: 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: 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: 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

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: Для выявления мутации могут быть использованы методы секвенирования ДНК, такие как Сэнгер-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: 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: 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

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

Оценочные материалы для промежуточной аттестации

Форма промежуточной аттестации - *зачет*. Зачет проводится в форме устного собеседования.

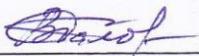
К зачету допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу, успешно сдавшие все предусмотренные формы текущего контроля. Студенты, имеющие задолженность по текущему контролю, должны выполнить все обязательные виды деятельности по учебному плану.

Примерный список вопросов к зачету

1. Базы данных - функции и классификация. Записи базы данных
2. Выравнивание – цели, задачи, основные понятия и определения. Типы выравнивания - глобальное и локальное.
3. Эволюционное дерево и теория графов. Клада, таксон и узел.
4. Основные подходы к филогенетическому анализу. Критерии филогенетического анализа
5. Основные этапы и методы филогенетического анализа. Методы расстояний. Алгоритм объединения соседей.
6. Методы филогенетического анализа. Метод минимальной эволюции. Метод максимальной экономичности. Метод максимального правдоподобия.

7. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа.
8. Объясните различия между методами максимальной вероятности и байесовским методом в филогенетическом анализе.
9. Программа трансляции последовательности, рамки считывания
10. Программы поиска гомологичных последовательностей
11. Программы парного и множественного выравнивание последовательностей
12. Схема идентификации нуклеотидной последовательности
13. Исследование аминокислотной последовательности
14. Локальные программы для визуализации структуры молекул
15. Филогенетические деревья. Свойства и виды филогенетических деревьев.
16. Графическое представление филогенетических деревьев
17. Молекулярная филогенетика и происхождение жизни.
18. Молекулярная филогенетика и горизонтальный перенос генетической информации.
19. Молекулярная филогенетика и горизонтальный перенос генетической информации.
20. Применение молекулярного анализа в установлении центров происхождения.
21. Нейтральность молекулярной эволюции.
22. Особенности использования разных видов маркеров для реконструкции филогений.

Разработчики:

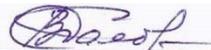


(подпись)

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.