

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ (НИ ТГУ)
Институт биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства
(БИОЛОГИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ)

УТВЕРЖДАЮ:

Директор Биологического института

Д. С. Воробьев



29 июня 2023 г.

Рабочая программа дисциплины

Филогенетика

по направлению подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль) подготовки:

«Генетика, геномика и синтетическая биология»

Форма обучения

Очная

Квалификация

Магистр

Год приема

2023

Код дисциплины в учебном плане: Б1.В.ДВ.01.02

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП

В. Н. Стегний

Председатель УМК

А. Л. Борисенко

Томск – 2023

1. Цель и планируемые результаты освоения дисциплины (модуля)

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

- ОПК-2 – Способен творчески использовать в профессиональной деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность программы магистратуры;
- ОПК-6 – Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок;
- ПК-1 – Способен обрабатывать и использовать научную и научно-техническую информацию при решении исследовательских задач в соответствии с профилем (направленностью) магистерской программы.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИОПК-2.1 – Демонстрирует понимание фундаментальных и прикладных представлений дисциплин, определяющих направленность программы магистратуры;

ИОПК-2.2 – Демонстрирует понимание методологических основ дисциплин, определяющих направленность программы магистратуры;

ИОПК-6.1 – Описывает разнообразие, пути и перспективы применения компьютерных технологий в современной биологии.

ИПК-1.1 – Применяет знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры при решении отдельных исследовательских задач.

2. Задачи освоения дисциплины

– Получить теоретические знания об эволюционных связях между организмами, филогенетических отношениях между ними.

– Научиться находить закономерности в молекулярных данных, позволяющих заключить филогенетическое родство между ними.

– Изучить перспективы использования методов молекулярной генетики в генетики и сравнительной биологии.

– Научиться использовать современные технологии для вывода филогенетических связей, основанных на молекулярных данных.

3. Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы

Дисциплина относится к части образовательной программы, формируемой участниками образовательных отношений, предлагается обучающимся на выбор.

4. Семестр(ы) освоения и форма(ы) промежуточной аттестации по дисциплине

Семестр 1, экзамен.

5. Входные требования для освоения дисциплины

Для успешного освоения дисциплины требуются компетенции, сформированные в ходе освоения образовательных программ предшествующего уровня образования.

Для успешного освоения дисциплины требуются результаты обучения по следующим дисциплинам: Молекулярная биология, Информационные технологии, Биохимия, Высшая математика.

6. Язык реализации

Русский

7. Объем дисциплины (модуля)

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 з.е., 108 часов, из которых:

- лекции: 6 ч.;
- семинарские занятия: 16 ч.
- практические занятия: 0 ч.;
- лабораторные работы: 0 ч.

в том числе практическая подготовка: 0 ч.

Объем самостоятельной работы студента определен учебным планом.

8. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам

Тема 1. Введение в Филогенетику. Существующие способы вывода филогенетических отношений между организмами. Основы молекулярной эволюции. Общие закономерности макромолекул для вывода филогенетики.

Тема 2. Современные подходы в филогенетики.

Алгоритмы выравнивания последовательностей. Алгоритма Нидлмана-Вуншка, алгоритм Смита-Ватермана, выравнивание с аффинными гэпами, эвристические алгоритмы, алгоритмы прогрессивного выравнивания.

Тема 3. Вывод филогенетического дерева.

Филогенетическое дерево, основные компоненты. Типы филогенетических деревьев. Матрица расстояния последовательностей, модели эволюции последовательностей. Алгоритм WPGMA, UPGMA, алгоритм Neighbor Joining. Maximum likelihood. Оценка топологии построенного дерева.

9. Текущий контроль по дисциплине

Текущий контроль по дисциплине проводится путем

– оценки докладов, сделанных на семинарских занятиях и оцениваемых по 3-х балльной шкале, где 3 балла – развернутый доклад, проиллюстрированный схемами, рисунками, фотографиями, сделанный на основе самостоятельно подобранных информационных источников; 2 балла – доклад, сделанный на основе предложенных информационных источников; 1 балл – краткая информационная справка.

– выполнения практических домашних заданий, которые заключаются в использовании современных методов для построения анализа филогенетического родства, как при выравнивании последовательностей, так и при построении филогенетического дерева и оценки его топологии.

Текущий контроль проверяет ИПК 1.1 и фиксируется в форме контрольной точки не менее одного раза в семестр.

10. Порядок проведения и критерии оценивания промежуточной аттестации

Экзамен в первом семестре проводится в устной форме по билетам. Экзаменационный билет состоит из двух частей. Продолжительность экзамена 4,3 часа.

Первая часть содержит один вопрос, проверяющий ИОПК-2.1, ИОПК-2.2. Ответ на вопрос первой части дается в развернутой форме.

Вторая часть содержит один вопрос, проверяющий ИОПК-6.1, ИПК-1.1. Ответ на вопрос второй части дается в развернутой форме.

Примерный перечень теоретических вопросов:

1. Эволюция нуклеиновых кислот и аминокислот.
2. Типы мутаций.
3. Виды точечных мутаций, частота их возникновения.

4. Гипотезы возникновения жизни на Земле.
5. РНК-мир.
6. Домены жизни. Филогенетическое дерево организмов.
7. LUCA и LECA. Современный взгляд на возникновение эукариот.
8. Форматы fasta и fastq.
9. Форматы newick и NEXUS.
10. Маркерные гены про- и эукариот в филогенетическом анализе.
11. Гены 16 S рРНК прокариот. ITS последовательности эукариот.
12. Понятие гомологии последовательностей.
13. Ортологи и паралоги определение, основные отличия и примеры.
14. Выравнивание последовательностей. Особенности выравнивания белковых последовательностей.
15. Алгоритм Нидлмана-Вунша.
16. Алгоритм Смитта-Ватермана.
17. Выравнивание с аффинным взвешиванием гэпов.
18. Множественное выравнивание последовательностей. Сложность алгоритмов. Эвристические алгоритмы.
19. Алгоритм прогрессивного выравнивания.
20. Модели эволюции последовательностей.
21. Матрица расстояния последовательностей.
22. Филогенетическое дерево. Основные компоненты. Типы филогенетических деревьев.
23. Виды алгоритмов построения филогенетического дерева. Предпочтительные алгоритмы.
24. Алгоритм WPGMA и UPGMA.
25. Алгоритм Neighbor Joining.
26. Оценка топологии дерева. Метод jackknife и bootstrap.

Результаты экзамена определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

Результаты текущего контроля учитываются в виде дополнения 1 балла к результату промежуточной аттестации в случае, если обучающийся посещал все лекции и семинарские занятия и подготовил не менее 3 развернутых докладов по темам курса (получил 9 баллов).

Оценивание ответа на экзаменационный билет производится по 5-ти балльной шкале, где:

5 баллов (отлично) – дан полный, самостоятельный (без наводящих вопросов) ответ, сопровождающийся соответствующими рисунками, схемами и примерами, на все (2) вопросы билета. Продемонстрировано знание и владение терминами по курсу «филогенетика». Даны ответы на дополнительные вопросы (если необходимость в таковых возникнет), демонстрирующие, что отвечающий ориентируется в смежных темах и имеет целостное представление о современных методах филогенетического анализа. Отвечающий способен применять современные технологии для проведения филогенетического анализа.

4 балла (хорошо) – дан ответ, сопровождающийся соответствующими рисунками, схемами и примерами, на все (2) вопросы билета. При этом отвечающий нуждается в наводящих вопросах. Продемонстрировано знание и владение терминами в рамках экзаменационных вопросов. Даны ответы на дополнительные вопросы (если необходимость в таковых возникнет), демонстрирующие, что отвечающий имеет целостное представление о современных методах филогенетического анализа. Имеются

незначительные недочеты в использовании подходящих программ для проведения филогенетического анализа.

3 балла (удовлетворительно) – дан ответ на все (2) вопросы билета не в полном объеме. Отвечающий испытывает трудности с использованием терминов и иллюстрированием ответа. Даны ответы на дополнительные вопросы (если необходимость в таковых возникнет), демонстрирующие, что отвечающий имеет фрагментарное представление о современных методах филогенетического анализа. Имеются значительные сложности в использовании современных программ для филогенетики.

2 балла (неудовлетворительно) – обучающийся не ответил на вопросы экзаменационного билета. Не имеет представления о современных методах филогенетического анализа.

11. Учебно-методическое обеспечение

а) Электронный учебный курс по дисциплине в электронном университете «Moodle» - <https://moodle.tsu.ru/enrol/index.php?id=32015>

б) Оценочные материалы текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.

в) План семинарских / практических занятий по дисциплине.

Семинарские занятия проводятся по единому плану:

1. Доклады обучающихся по темам, соответствующим содержанию дисциплины
2. Обсуждение представленной информации.
3. Знакомство с информационными источниками по теме семинара.

Темы семинаров:

Семинар № 1 Молекулярная эволюция.

Семинар № 2 Современные направления филогенетики.

Семинар № 3 Филогенетическое дерево. Его структура и особенности.

Семинар № 4 Алгоритмы парного выравнивания.

Семинар № 5 Алгоритмы множественного выравнивания.

Семинар № 6 Эволюционная дистанция. Матрица расстояния.

Семинар № 7 Построение филогенетического дерева.

Семинар № 8 Оценка топологии полученного дерева.

д) Методические указания по организации самостоятельной работы студентов.

Целью самостоятельной работы обучающихся является:

- закрепление фундаментальных знаний в области филогенетики, изучение работы современных программ для анализа молекулярного родства;
- развитие умения самостоятельно работать с учебным материалом;
- приобретение навыков поиска и реферирования доступной научной информации в области филогенетики.

Самостоятельная работа студентов предусматривает:

- повторение лекционного материала, подготовку к семинарским занятиям;
- подготовку к экзамену.

Во время самостоятельной работы для подготовки к семинарским занятиям обучающийся может использовать рекомендованные литературные источники и интернет-ресурсы, а также иные источники информации (статьи в периодических изданиях и др.), позволяющие получать современную информацию об исследованиях в области филогенетики.

12. Перечень учебной литературы и ресурсов сети Интернет

а) основная литература:

– Bromham, Lindell. An introduction to molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press, 2016.

– Lemey, Philippe, Marco Salemi, and Anne-Mieke Vandamme, eds. The phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. Cambridge University Press, 2009.

– Felsenstein, Joseph. "Theoretical evolutionary genetics joseph felsenstein." University of Washington, Seattle (2005).

– Bleidorn, Christoph. Phylogenomics: an introduction. Springer, 2017.

б) дополнительная литература:

– Клетки по Льюину / Окс Реймонд, Джоуклин Кребс Е., Дэвид Бир Дж. [и др.] ; под редакцией Л. Кассимерис [и др.] ; перевод И. В. Филиппович. — 3-е изд. — Москва : Лаборатория знаний, 2018. — 1057 с. — ISBN 978-5-00101-587-1. — Текст : электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART : [сайт]. — URL: <https://www.iprbookshop.ru/88935.html> (21.02.2023).

в) ресурсы сети Интернет:

– Курс на stepik.org «Молекулярная филогенетика»
<https://stepik.org/course/2054/syllabus>

– Молекулярная филогенетика и филогеография с основами биологической систематики

<http://vertebrata.bio.msu.ru/education/courses/%D0%BC%D0%BE%D0%BB%D0%B5%D0%BA%D1%83%D0%BB%D1%8F%D1%80%D0%BD%D0%B0%D1%8F-%D1%84%D0%B8%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D0%B5%D0%BD%D0%B5%D1%82%D0%B8%D0%BA%D0%B0-%D0%B8-%D1%84%D0%B8%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D0%B5%D0%BE/>

13. Перечень информационных технологий

а) лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение:

– Microsoft Office Standart 2013 Russian: пакет программ. Включает приложения: MS Office Word, MS Office Excel, MS Office PowerPoint, MS Office On-eNote, MS Office Publisher, MS Outlook, MS Office Web Apps (Word Excel MS PowerPoint Outlook);

– публично доступные облачные технологии (Google Docs, Google Colab, Яндекс диск и т.п.).

б) информационные справочные системы:

– Электронный каталог Научной библиотеки ТГУ –

<http://chamo.lib.tsu.ru/search/query?locale=ru&theme=system>

– Электронная библиотека (репозиторий) ТГУ –

<http://vital.lib.tsu.ru/vital/access/manager/Index>

– ЭБС Лань – <http://e.lanbook.com/>

– ЭБС Консультант студента – <http://www.studentlibrary.ru/>

– Образовательная платформа Юрайт – <https://urait.ru/>

– ЭБС ZNANIUM.com – <https://znanium.com/>

– ЭБС IPRbooks – <http://www.iprbookshop.ru/>

в) профессиональные базы данных:

– Ensembl – <https://www.ensembl.org/index.html>

– UniProt – <https://www.uniprot.org/>

14. Материально-техническое обеспечение

Аудитории для проведения занятий лекционного типа.

Аудитории для проведения занятий семинарского типа, индивидуальных и групповых консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации.

Помещения для самостоятельной работы, оснащенные компьютерной техникой и доступом к сети Интернет, в электронную информационно-образовательную среду и к информационным справочным системам.

15. Информация о разработчиках

Кириленко К.М, ассистент каф. генетики и клеточной биологии Биологического института ТГУ.