

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ (НИ ТГУ)

Институт биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства (Биологический институт)

УТВЕРЖДЕНО:
Директор
Д. С. Воробьев

Оценочные материалы по дисциплине

Филогенетика

по направлению подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль) подготовки:
Генетика, геномика и синтетическая биология

Форма обучения
Очная

Квалификация
Магистр

Год приема
2024

СОГЛАСОВАНО:
Руководитель ОП
О.В. Карначук

Председатель УМК
А. Л. Борисенко

Томск – 2025

1. Компетенции и индикаторы их достижения, проверяемые данными оценочными материалами

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;

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

2. Оценочные материалы текущего контроля и критерии оценивания

Элементы текущего контроля:

- тест;
- реферат;
- проект;
- практическое задание

Текущий контроль считается пройден, если студент набрал 80% от максимально возможной суммы баллов.

ИОПК-2.1

Тест с развернутым ответом:

1. Предположите методы сравнения двух организмов, не включая анализ последовательностей.

Пример полного ответа:

Для сравнения организмов в филогенетике, кроме анализа последовательностей, можно использовать:

- Морфологический анализ (сравнение внешних признаков и окаменелостей).
- Эмбриологию (сравнение стадий развития).
- Кариотипирование (сравнение структуры хромосом).
- Биogeографию (анализ распространения видов).
- Физиологические данные (метаболизм, системы органов).
- Экологические ниши (адаптации и поведение).
- Паразитов и симбионтов (эволюция вместе с хозяевами).

Критерии оценивания: полностью развернутый ответ оценивается в 4 балла.

Частично правильный ответ оценивается от 1 до 4 баллов. Неверный ответ оценивается в 0 баллов.

2. Нарисуйте филогенетическое дерево и обозначьте его основные компоненты.

Критерии оценивания: полностью развернутый ответ оценивается в 2 балла.
Частично правильный ответ оценивается в 1 балл. Неверный ответ оценивается в 0 баллов.

3. Проект «Проведение филогенетического анализа представителей группы Обезьяноподобные»:
1. Выбрать последовательности 10 организмов группы Обезьяноподобные, которые адекватно отображали бы эволюции внутри группы.
 2. Скачать последовательности.
 3. Провести полный филогенетический анализ от выравнивания последовательностей с подбором оптимальной модели эволюции для данных до оценки топологии полученного дерева.
 4. Отредактировать полученное филогенетическое дерево, сравнить полученное дерево с реальным деревом внутри группы. Найти отличия в реальном дереве группы и полученном самостоятельно, если отличия имеются, попробовать разобраться почему так получилось.
 5. Представить на занятии свой проект в виде доклада с презентацией, описывающей опробованные программы и алгоритмы, используемые для построения дерева.

Полностью выполненное задание по всем пунктам оценивается в 10 баллов.
Частично правильное задание оценивается от 1 до 9 баллов. Полностью невыполненное задание оценивается в 0 баллов.

ИОПК-2.2

Практическое задание:

Построение филогенетического дерева для нескольких видов на основе последовательностей гена цитохрома b

Цель: Построить филогенетическое дерево для пяти видов на основе данных о последовательностях гена цитохрома b с использованием программы MEGA.

Шаги выполнения:

- Скачайте последовательности гена цитохрома b для следующих видов (в формате FASTA):
 - Homo sapiens (человек)
 - Pan troglodytes (шимпанзе)
 - Mus musculus (мышь)
 - Gallus gallus (курица)
 - Danio rerio (рыбка данио)
- Запустите программу MEGA и импортируйте скачанные последовательности
- Загрузите последовательности в редактор выравнивания.
- Выполните выравнивание последовательностей
- Постройте филогенетическое дерево
- Выберите подходящие параметры для метода (например, модель расстояний p-distance и Bootstrap для оценки достоверности).
- Сохраните и визуализируйте полученное филогенетическое дерево.

Полностью выполненное задание по всем пунктам оценивается в 8 баллов.
Частично правильное задание оценивается от 1 до 7 баллов. Полностью невыполненное задание оценивается в 0 баллов.

ИОПК-6.1

Тестовое задание с развернутым ответом:

- 1) Где применяется выравнивание последовательностей, кроме как в построении филогенетических деревьев.

Критерии оценивания: полностью развернутый ответ оценивается в 2 балла.

Частично правильный ответ оценивается в 1 балл. Неверный ответ оценивается в 0 баллов.

- 2) Если необходимо найти общий консервативный мотив в 2 последовательностях белка, каким алгоритмом стоит воспользоваться и почему? А в случае 10 последовательностей?

Пример полного ответа: для 2 последовательностей белка можно использовать алгоритм выравнивания парных последовательностей, например, Needleman-Wunsch (глобальное выравнивание) или Smith-Waterman (локальное выравнивание), чтобы найти общий консервативный мотив.

Для 10 последовательностей лучше использовать мультивыравнивание, например, Clustal Omega или MAFFT, чтобы выявить консервативные мотивы среди всех последовательностей одновременно.

Критерии оценивания: полностью развернутый ответ оценивается в 2 балла.

Частично правильный ответ оценивается в 1 балл. Неверный ответ оценивается в 0 баллов

3. Оценочные материалы итогового контроля (промежуточной аттестации) и критерии оценивания

Промежуточная аттестация в форме экзамена проводится на основе суммы баллов, которые студент получил за выполнение двух тестов и защиту проекта. Оценка выставляется по диапазону баллов от общего максимума баллов за два теста и проект:

- от 85 до 100 % – «отлично»;
- от 75 до 84 % – «хорошо»;
- от 65 до 74 % – «удовлетворительно»;
- меньше 65 % – студент сдает устный экзамен по билетам.

Компетенция	Индикатор компетенции	Неудовлетворительно	Удовлетворительно	Хорошо	Отлично
ОПК-2	ИОПК-2.1	Менее 46 баллов	От 46 до 53 баллов	От 54 до 60 баллов	От 61 балла и выше
ОПК-2	ИОПК-2.2.	Менее 40 баллов	От 40 до 45 баллов	От 46 до 51 баллов	От 52 баллов и выше
ОПК-6	ОПК-6.1	Менее 32 баллов	От 32 до 36 баллов	От 37 до 41 баллов	От 42 баллов и выше
Итого		Менее 118 баллов	От 118 до 136 баллов	От 137 до 154 баллов	От 155 баллов и выше

Если набрано меньше 65 % баллов от максимально возможной суммы, то студент сдает устный экзамен по билетам. Каждый билет содержит 2 теоретических вопроса из перечня:

ИОПК-2.1, ИОПК-2.2

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.

ИОПК-6.1

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. Алгоритм Maximum likelihood.
27. Алгоритм Байесовской инференции.
28. Оценка топологии дерева. Метод jackknife и bootstrap.

4. Оценочные материалы для проверки остаточных знаний (сформированности компетенций)

ИОПК-2.1, ИОПК-2.2

1. Как называется гипотеза о том, что жизнь на Земле могла начаться с самовоспроизводящихся молекул РНК?
 - а) LUCA
 - б) РНК-мир
 - в) Прогрессивная эволюция
 - г) LECA
2. Какой формат файлов используется для хранения последовательностей ДНК и аминокислот с информацией о качестве считывания?
 - а) FASTA
 - б) NEXUS
 - в) FASTQ
 - г) Newick
3. Как называются мутации, при которых одно азотистое основание заменяется на другое?
 - а) Инверсии
 - б) Делеции
 - в) Точечные мутации
 - г) Дупликации
4. Какой алгоритм используется для глобального выравнивания последовательностей?
 - а) Smith-Waterman
 - б) Clustal Omega
 - в) Needleman-Wunsch
 - г) MAFFT
5. Какая модель эволюции последовательностей предполагает постоянную скорость изменений?
 - а) Прогрессивная
 - б) Maximum likelihood
 - в) Jukes-Cantor
 - г) Байесовская инференция
6. Какие гены используются в филогенетическом анализе для прокариот?
 - а) Гены 16S рРНК
 - б) Гены митохондрий
 - в) ITS последовательности
 - г) Гены гистонов
7. Что такое ортологи?
 - а) Гены, которые возникли в результате дупликации внутри одного организма
 - б) Гены, которые возникли в результате видообразования и присутствуют в разных организмах
 - в) Гены, ответственные за регуляцию экспрессии
 - г) Мутации, приводящие к изменению одной азотистой основы
8. Какой алгоритм строит филогенетическое дерево, используя метод ближайшего соседа?
 - а) Maximum likelihood

- б) Neighbor Joining
- в) UPGMA
- г) Байесовская инференция

9. Какой метод оценки достоверности топологии дерева использует перемутации выборок данных?

- а) Jackknife
- б) Maximum likelihood
- в) Bootstrap
- г) Neighbor Joining

10. Какой из алгоритмов используется для множественного выравнивания последовательностей?

- а) Needleman-Wunsch
- б) MAFFT
- в) Smith-Waterman
- г) Maximum likelihood

Ключи: 1)б; 2)в; 3)в; 4)в; 5)в; 6)а; 7)б; 8)б; 9)в; 10)б;

ИОПК-6.1

1. Какой алгоритм построения филогенетического дерева требует предварительного вычисления матрицы расстояний и минимизирует сумму длин ветвей?

- а) Neighbor Joining
- б) Maximum likelihood
- в) Байесовская инференция
- г) UPGMA

2. Какой метод построения филогенетического дерева включает вероятность всех возможных деревьев и использует процесс Маркова для моделирования изменений?

- а) WPGMA
- б) Maximum likelihood
- в) Байесовская инференция
- г) Jackknife

3. В каком алгоритме используется иерархический кластерный подход с равным взвешиванием расстояний между кластерами?

- а) Neighbor Joining
- б) UPGMA
- в) Maximum likelihood
- г) Bootstrap

4. Какой метод построения дерева наиболее предпочтителен для больших наборов данных, так как использует эвристические стратегии для поиска наилучшего дерева?

- а) Maximum likelihood
- б) WPGMA
- в) Байесовская инференция
- г) Neighbor Joining

5. Какое ключевое событие в эволюции привело к возникновению эукариотических клеток?

- а) Дупликация генов
- б) Эндосимбиотическая теория
- в) Мутации в митохондриальной ДНК
- г) Разделение архей и бактерий

6. Как называется процесс, при котором не связанные друг с другом организмы развивают схожие черты из-за сходных условий окружающей среды?

- а) Конвергентная эволюция
- б) Дивергентная эволюция
- в) Параллельная эволюция
- г) Стабилизирующий отбор

7. Какой из следующих процессов считается основным механизмом для горизонтального переноса генов среди прокариот?

- а) Трансдукция
- б) Транспозиция
- в) Конъюгация
- г) Секвенирование

8. Какое ключевое отличие между ортологами и паралогами?

- а) Ортологи происходят от гомологичных генов в результате видообразования, а паралоги — в результате дупликации генов
- б) Паралоги связаны с горизонтальным переносом генов, а ортологи — с мутациями
- в) Ортологи имеют одинаковую функцию в разных организмах, а паралоги — разные функции в одном организме
- г) Паралоги всегда представляют собой некодирующие последовательности, а ортологи — кодирующие

Ключи: 1)а; 2)в; 3)б; 4)а 5)б; 6)а; 7)в; 8)а

Информация о разработчиках

Кириленко Кирилл Михайлович, ассистент каф. генетики и клеточной биологии