

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
Г. Н. Артемов

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.

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. 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, ИОПК-2.2

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).
- Биогеографию (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-6.1

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.

ИПК-1.1

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 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 зачет 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	От 32 до 36	От 37 до 41	От 42 баллов и

ПК-1	ИПК-1.1.	баллов	баллов	баллов	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 зачет 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.

ИПК-1.1

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

Ключи: 1)а; 2)в; 3)б; 4)а

ИПК-1.1

1. 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

2. 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

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

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

4. 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)б; 2)а; 3)в; 4)а

Информация о разработчиках

Кириленко Кирилл Михайлович, ассистент каф. генетики и клеточной биологии