

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

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

2024

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП

Г. Н. Артемов

Председатель УМК

А. Л. Борисенко

1. Цель и планируемые результаты освоения дисциплины

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, позволяющие заключить филогенетическое родство между ними.

– Изучить перспективы использования молекулярных методов в сравнительной генетике.

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

образовательной программы

Дисциплина относится к Блоку 1 «Дисциплины (модули)».

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

Первый семестр, зачет

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: «генетика», «молекулярная биология», «компьютерные технологии»

6. Язык реализации

Русский

7. Объем дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 2 з.е., 72 часов, из которых:

-лекции: 6 ч.

-семинар: 16 ч.

Объем самостоятельной работы студента определен учебным планом.

8. Содержание дисциплины, структурированное по темам

Тема 1: Эволюция и происхождение жизни.

Эволюция живых систем на Земле. Эволюция на уровне аминокислот и нуклеиновых кислот. Связь филогенетики и теории эволюции. Типы отбора. Мутации как движущая сила эволюции. Гипотезы происхождения жизни.

Тема 2: Форматы данных в филогенетики.

Форматы FASTA и FASTQ. Форматы для представления филогенетических деревьев: Newick и NEXUS. Стандарты хранения и обработки генетических данных.

Тема 3: Классификация жизни и филогенетические деревья.

Домены жизни: бактерии, археи, эукариоты. Филогенетическое древо жизни. LUCA и LECA. Происхождение эукариот.

Тема 4: Гомология и эволюционные отношения генов.

Ортологи и паралоги. Гомология последовательностей. Методы анализа гомологии. Выравнивание последовательностей.

Тема 5: Алгоритмы выравнивания последовательностей.

Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смитта-Ватермана. Выравнивание с аффинным взвешиванием гэпов. Прогрессивное и множественное выравнивание. Эвристические методы выравнивания.

Тема 6: Построение филогенетических деревьев.

Методы построения деревьев: UPGMA, Neighbor Joining, Maximum Likelihood, Байесовская инференция. Оценка топологии дерева: Bootstrap, Jackknife. Модели эволюции последовательностей.

9. Текущий контроль по дисциплине

Текущий контроль по дисциплине проводится путем контроля посещаемости, проведения контрольных работ, тестов по лекционному материалу, рефератов и практических заданий и фиксируется в форме контрольной точки не менее одного раза в семестр.

Оценочные материалы текущего контроля размещены на сайте ТГУ в разделе «Информация об образовательной программе» - <https://www.tsu.ru/sveden/education/eduop/>.

10. Порядок проведения и критерии оценивания промежуточной аттестации

Зачет в первом семестре проводится в устной форме по билетам. Билет состоит из двух частей. Продолжительность зачета 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.

Вопросы к зачету по дисциплине «Филогенетика»

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.

Результаты зачета определяются оценками «зачтено», «не зачтено».

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 билет производится по 5 бальной 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.

Зачет ставится в случае, если набрано 3 и более баллов.

Оценочные материалы для проведения промежуточной аттестации размещены на сайте ТГУ в разделе «Информация об образовательной программе» - <https://www.tsu.ru/sveden/education/eduop/>.

11. Учебно-методическое обеспечение

а) Электронный учебный курс по дисциплине в среде электронного обучения iDO - <https://lms.tsu.ru/course/view.php?id=35252>

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 зачету.

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 (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 Кирилл Михайлович, ассистент каф. генетики и клеточной биологии