

Белорусский государственный университет

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе


А.Н. Толкушк
2015



Регистрационный № УД-22257 баз.

Молекулярная систематика

**Учебная программа учреждения высшего образования
по учебной дисциплине для специальности:**

1-31 01 01 Биология (по направлениям)
специализаций 1-31 01 01-01 02 Ботаника и
1-31 01 01-02 02 Ботаника

2015 г.

Учебная программа составлена на основе ОСВО 1-31 01 01-2013 и учебных планов УВО № G31-132/уч. 2013 г. и № G31-133/уч. 2013 г.

СОСТАВИТЕЛЬ:

Зоя Евгеньевна Грушецкая, доцент кафедры ботаники Белорусского государственного университета, кандидат биологических наук

РЕЦЕНЗЕНТЫ:

Валентина Александровна Лемеш, директор Государственного научного учреждения «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси», кандидат биологических наук, доцент;

Евгений Артурович Николайчик, доцент кафедры молекулярной биологии Белорусского государственного университета, кандидат биологических наук, доцент;

РЕКОМЕНДОВАНА К УТВЕРЖДЕНИЮ:

Кафедрой ботаники Белорусского государственного университета (протокол № 12 от 25 февраля 2015 г.);

Учебно-методической комиссией Белорусского государственного университета (протокол № 9 от 01 апреля 2015 г.)

Ответственный за редакцию: Зоя Евгеньевна Грушецкая

Ответственный за выпуск: Зоя Евгеньевна Грушецкая

ПОЯСНИТЕЛЬНАЯ ЗАПИСКА

Учебная программа учреждения высшего образования по учебной дисциплине «Молекулярная систематика» составлена на основе образовательного стандарта высшего образования первой степени по специальности 1-31 01 01 «Биология (по направлениям)».

Предмет «Молекулярная систематика» является курсом, знакомящим студентов с фундаментальными и прикладными аспектами ДНК-идентификации живых организмов, а также с принципами эволюционного анализа генетической информации.

Целью курса является формирование у студентов представлений об основных концепциях молекулярной эволюции, а также знакомство с современными методиками, применяемыми для идентификации и биоинформатического анализа ДНК-полиморфизма растений, грибов, водорослей и лишайников.

В задачи курса входит:

- изучение как лабораторных, так и математических методов анализа биологической информации,
- использование полученных знаний для решения широкого круга задач, связанных с установлением закономерностей эволюции таксонов различного ранга,
- применение ДНК-анализа и математических методов для изучения и сохранения биоразнообразия растительных ресурсов Республики Беларусь,
- изучение принципов идентификацией и селекции сортов и гибридов сельскохозяйственных культур с помощью ДНК-маркеров.

Курс «Молекулярная систематика» относится к числу специальных ботанических дисциплин, и базируется на знаниях студентов по учебным дисциплинам «Ботаника», «Альгология и микология», «Генетика», «Основы информационной биологии», «Введение в системную биологию» и другим биологическим дисциплинам. В свою очередь, изучение данной дисциплины будет способствовать усвоению других спецкурсов по специализации «Ботаника».

Программа курса составлена с учетом межпредметных связей и программ по смежным учебным дисциплинам («Генетика», «Основы информационной биологии», «Молекулярная биология», «Биометрия»).

В результате изучения учебной дисциплины студенты должны

знать:

- основные аспекты молекулярной эволюции видов и популяций;
- принципы чтения филогенетических деревьев;
- типы ДНК-маркеров, применяемых для анализа групп различного таксономического ранга;
- модели нуклеотидных замен и принципы их выбора, а также методы валидации топологии филогенетических дендрограмм;
- особенности эволюции неиерархических систем, связанных с горизонтальным переносом генов;

– основы молекулярной таксономии грибов, водорослей, лишайников и растений;

– принципы молекулярно-генетической оценки биоразнообразия и маркер-сопутствующей селекции;

уметь:

– проводить видовую идентификацию объектов с помощью соответствующих ДНК-методов и компьютерных систем;

– использовать полученные алгоритмы при прохождении других биологических дисциплин.

владеть:

– молекулярно-генетическими методами в практической работе;

– навыками использования баз данных нуклеотидных последовательностей, поиска сходных нуклеотидных последовательностей и оценки уровня их генетического сходства;

– методами построения филогенетических дендрограмм, основанными на генетических дистанциях и анализе дискретных признаков.

Изучение учебной дисциплины «Молекулярная систематика» должно обеспечить формирование у студента следующих компетенций:

АК-1. Уметь применять базовые научно-теоретические знания для решения теоретических и практических задач.

АК-3. Владеть исследовательскими навыками.

АК-4. Уметь работать самостоятельно.

АК-6. Владеть междисциплинарным подходом при решении проблем.

ПК-2. Осваивать новые модели, теории, методы исследования, участвовать в разработке новых методических подходов.

ПК-3. Осуществлять поиск и анализ данных по изучаемой проблеме в научной литературе, составлять аналитические обзоры.

ПК-4. Готовить научные статьи, сообщения, рефераты, доклады и материалы к презентациям.

ПК-7. Осуществлять поиск и анализ данных по изучаемой проблеме в научно-технических и других информационных источниках.

В соответствии с учебным планом дневной формы получения образования программа рассчитана на 70 часов, из них 34 аудиторных часа. Распределение по видам занятий: лекции – 20 часов, лабораторные занятия – 12 часов, аудиторный контроль управляемой самостоятельной работы – 2 часа. Форма текущей аттестации по учебной дисциплине – зачет.

СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОГО МАТЕРИАЛА

I. ОСНОВНЫЕ КОНЦЕПЦИИ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ЭВОЛЮЦИИ

Эволюция развития концепции вида. Классификация Линнея, принципы эволюции видов по Ч. Дарвину, синтетическая теория эволюции. Основы популяционной генетики. Размер популяции. Эффективная численность популяции. Частоты генотипов, генетический дрейф. Сохранение генетического разнообразия растений, грибов и водорослей. Нейтральная теория эволюции. Принцип «молекулярных часов».

Принципы чтения филогенетических деревьев. Поли/пара/монофилетические группы. Внешняя группа. Гомология и гомоплазия. Ортологи и паралоги. Нейтральные и специфические ДНК-маркеры. ДНК-баркодинг.

II. ХАРАКТЕРИСТИКА И АНАЛИЗ МАРКЕРНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. БАЗЫ ДАННЫХ

Характеристика эволюционных маркеров ядерного и хлоропластного генома. Эволюционный маркер, признаки маркерных последовательностей, используемых при построении филогенетических реконструкций. Характеристика ДНК-маркеров, применяемых для анализа групп различного таксономического ранга.

Ядерный геном. Кодированные, спейсерные и некодирующие последовательности ДНК. Семейства генов. Псевдогены. Уникальные и повторяющиеся последовательности ДНК. Сателлитные, мини- и микросателлитные последовательности.

Геном хлоропластов. Молекулярная организация хпДНК. Гены хпДНК. Спейсерные участки. Преимущества исследований хпДНК для молекулярной систематики.

Сравнительный анализ маркерных последовательностей. Базы данных нуклеотидных последовательностей GenBank, BOLD, принципы поиска сходных нуклеотидных последовательностей (BLAST). Выравнивание - глобальное, локальное, множественное. Алгоритмы ClustalW, MUSCLE. E-value.

III. ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ДАННЫХ

Генетические дистанции и модели нуклеотидных замен. Наблюдаемые и ожидаемые генетические дистанции. Модели нуклеотидных замен. Модель как марковская цепь 1-го порядка. Неоднородность эволюции различных генов.

Методы построения филогенетических дендрограмм, основанные на генетических дистанциях. Невзвешенный парно-групповой метод (UPGMA), метод ближайших соседей (Neighbour-joining). Метод наименьших квадратов, Фитча-Марголиаша, минимальной эволюции.

Метод максимальной экономии (Maximum Parsimony) – принципы и алгоритмы.

Метод максимального правдоподобия (ML). Понятие функции правдоподобия. Выбор модели. Использование нескольких моделей (partitioning). Программные пакеты, используемые для построения филогенетических реконструкций.

IV. МЕТОДЫ ВАЛИДАЦИИ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕНДРОГРАММ И МОДЕЛЕЙ ЭВОЛЮЦИИ

Выбор модели эволюции. Функция правдоподобия (hLRT). Информационный критерий Akaike, ModelTest.

Методы валидации топологии дендрограммы - bootstrap, jackknife. Параметрический и непараметрический бутстреп-анализ.

V МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНИЯ И ТАКСОНОМИЯ

Сетевая эволюция. Клептопластия. Горизонтальный перенос генов. Особенности молекулярной эволюции представителей таксонов Archaeplastida (Plantae) и Stramenopiles.

Молекулярная филогения и таксономия грибов и лишайников.

VI ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДНК-ПОЛИМОРФИЗМА ДЛЯ РЕШЕНИЯ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИХ ЗАДАЧ

Оценка генетического разнообразия природных популяций редких и охраняемых растений и грибов с помощью ДНК-маркеров. Идентификация сортов и гибридов с помощью микросателлитных маркеров (генетическая паспортизация). Селекция сельскохозяйственных культур с помощью маркеров (marker assistant selection – MAS).

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКАЯ КАРТА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

(дневная форма получения образования)

Номер раздела, темы	Название раздела, темы	Количество аудиторных часов						Форма контроля знаний
		Лекции	Практические занятия	Семинарские занятия	Лабораторные занятия	Управляемая самостоятельная работа	Иное	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.	Введение. Основные концепции молекулярной эволюции	2						
2.	Характеристика эволюционных маркеров ядерного и хлоропластного генома	2						.
3.	Сравнительный анализ маркерных последовательностей.	2			4	2		Устный опрос, задания в тестовой форме, компьютерный анализ баз данных, защита рефератов Промежуточный зачет (устный опрос, компьютерное тестирование, коллоквиум).
4.	Генетические дистанции и модели нуклеотидных замен.	2						

1	2	3	4	5	6	7	8	9
5.	Методы построения филогенетических дендрограмм, основанные на генетических дистанциях.	2			2			Устный опрос, компьютерное тестирование, письменная контрольная работа
6.	Метод максимальной экономии (MP)	2			2			Устный опрос, компьютерное тестирование
7.	Метод максимального правдоподобия (ML)	2			2			Устный опрос, компьютерное тестирование.
8.	Методы валидации филогенетических дендрограмм и моделей эволюции.	2			2			Защита индивидуальных заданий
9	Молекулярная филогения и таксономия	2						
10.	Использование ДНК-полиморфизма для решения научно-практических задач	2						

ИНФОРМАЦИОННО-МЕТОДИЧЕСКАЯ ЧАСТЬ

ЛИТЕРАТУРА

Основная:

1. *Лукашов, В.В.* Молекулярная эволюция и филогенетический анализ / В.В. Лукашов // Москва, Бином, 2009.
2. *Felsenstein J.* Inferring Phylogenies // Sinauer Associates, Inc. 2004.
3. *Антонов А.С.* Основы геносистематики высших растений. Наука, М. , 2000

Дополнительная:

1. *Pascale Besse* Molecular Plant Taxonomy: Methods and Protocols // NY: Springer. 2014.
2. Молекулярна філогенія і сучасна таксономія наземних спорових рослин / С.Я. Кондратюк и др. // Киев: Наукова думка, 2013.
3. *Картавец, Ю.Ф.* Молекулярная эволюция и популяционная генетика / Ю.Ф. Картавец // Владивосток, 2009.

ПЕРЕЧЕНЬ ЗАДАНИЙ И КОНТРОЛЬНЫХ МЕРОПРИЯТИЙ УПРАВЛЯЕМОЙ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ СТУДЕНТОВ

Промежуточный зачет по разделу «Сравнительный анализ маркерных последовательностей».

ПЕРЕЧЕНЬ ИСПОЛЬЗУЕМЫХ СРЕДСТВ ДИАГНОСТИКИ

В качестве формы итогового контроля по дисциплине используется зачет.

Для оценки профессиональных компетенций студентов используется следующий диагностический инструментарий:

- устные и письменные опросы на лабораторных занятиях;
- письменные контрольные работы по отдельным темам курса;
- выполнение заданий в тестовой форме;
- коллоквиум;
- защита индивидуальных заданий при выполнении лабораторных работ.

ПЕРЕЧЕНЬ ЛАБОРАТОРНЫХ ЗАНЯТИЙ

1. Сравнительный анализ маркерных последовательностей. Базы данных нуклеотидных последовательностей (2 часа).
2. Выравнивание - глобальное, локальное, множественное (2 часа).

3. Методы построения филогенетических дендрограмм, основанные на генетических дистанциях (2 часа).
4. Метод максимальной экономии (Maximum Parsimony) (2 часа).
5. Метод максимального правдоподобия (ML) (2 часа).
6. Методы валидации филогенетических дендрограмм и моделей эволюции (2 часа).

МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОРГАНИЗАЦИИ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ СТУДЕНТОВ

Для организации самостоятельной работы студентов по учебной дисциплине курса следует использовать современные информационные технологии: разместить в сетевом доступе комплекс учебных и учебно-методических материалов (программа, курс лекций, мультимедийные презентации, методические указания к лабораторным занятиям, список рекомендуемой литературы и информационных ресурсов, задания в тестовой форме для самоконтроля и др.).

Эффективность самостоятельной работы студентов целесообразно проверять в ходе текущего и итогового контроля знаний. Для общей оценки качества усвоения студентами учебного материала рекомендуется использование рейтинговой системы.

ПРОТОКОЛ СОГЛАСОВАНИЯ УЧЕБНОЙ ПРОГРАММЫ УВО

Название учебной дисциплины, с которой требуется согласование	Название кафедры	Предложения об изменениях в содержании учебной программы учреждения высшего образования по учебной дисциплине	Решение, принятое кафедрой, разработавшей учебную программу (с указанием даты и номера протокола) ¹
1. Генетика	Кафедра генетики	Отсутствуют Зав. кафедрой Н.П. Максимова	Утвердить согласование протокол № 12 от 25 февраля 2015 г.
2. Основы информационной биологии	Кафедра зоологии	Отсутствуют Зав. кафедрой С.В. Буга	Утвердить согласование протокол № 12 от 25 февраля 2015 г.
3. Молекулярная биология	Кафедра молекулярной биологии	Отсутствуют Зав. кафедрой А.Н. Евтушенков	Утвердить согласование протокол № 12 от 25 февраля 2015 г.
4. Биометрия	Кафедра общей экологии и методики преподавания биологии	Отсутствуют Зав. кафедрой В.В. Гричик	Утвердить согласование протокол № 12 от 25 февраля 2015 г.