МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное учреждение
высшего профессионального образования
"Казанский (Приволжский) федеральный университет"
Институт фундаментальной медицины и биологии

УТВЕРЖДАЮ
Проректор
по образовательной деятельности КФУ
Проф. Минзарипов Р.Г.
_____
"___"_____20___ г.

Программа дисциплины

Молекулярно-генетический анализ в систематике и филогении беспозвоночных М1.В.1.1

Направление подготовки: 020400.68 - Биология
Профиль подготовки: Зоология беспозвоночных
Квалификация выпускника: магистр
Форма обучения: очное
Язык обучения: русский

Автор(ы):
Сабиров Р.М. , Гусев О.А.
Рецензент(ы):
Голубев А.И.

СОГЛАСОВАНО:
Заведующий(ая) кафедрой:
Протокол заседания кафедры No ___ от "____" _____ 201__г
Учебно-методическая комиссия Института фундаментальной медицины и биологии:
Протокол заседания УМК No ____ от "____" _____ 201__г

Регистрационный No

Казань
2014

Содержание

1. Цели освоения дисциплины
2. Место дисциплины в структуре основной образовательной программы
3. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины /модуля
4. Структура и содержание дисциплины/ модуля
5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения
6. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины и учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов
7. Литература
8. Интернет-ресурсы
9. Материально-техническое обеспечение дисциплины/модуля согласно утвержденному учебному плану

Программу дисциплины разработал(а)(и) ассистент, к.н. Гусев О.А. кафедра зоологии беспозвоночных и функциональной гистологии отделение биологии и биотехнологии ; заведующий кафедрой, к.н. (доцент) Сабиров Р.М. кафедра зоологии беспозвоночных и функциональной гистологии отделение биологии и биотехнологии , Rushan.Sabirov@kpfu.ru

1. Цели освоения дисциплины

Курс "Молекулярно-генетический анализ в систематике и филогении беспозвоночных" представляет собой раздел Спецглав физических и химических наук, в котором рассматриваются основные тенденции в систематике беспозвоночных в связи с внедрением молекулярно-генетических методов исследований. Курс направлен на расширение и углубление биологического образования магистров-зоологов, понимание проблем и современного состояния зоологической таксономии и молекулярной филогенетики

2. Место дисциплины в структуре основной образовательной программы высшего профессионального образования

Данная учебная дисциплина включена в раздел " М1.В.1 Общенаучный" основной образовательной программы 020400.68 Биология и относится к вариативной части. Осваивается на 1 курсе, 1 семестр.

Общенаучный цикл дисциплин М.1 В.1 - раздел - Спецглавы физических и химических наук

1 курс, 1 семестр, экзамен

3. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины /модуля

В результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции:

В результате освоения дисциплины студент:

1. должен знать:

- основные методы молекулярно-генетического анализа: гель-электрофореза, гибридизации ядерной ДНК, реакциях полимеразной цепи (митохондриальная ДНК, рибосомальная РНК);
- методы реконструкции филогенетических деревьев на основе молекулярных данных,
-различные виды филогенетического анализа

2. должен уметь:

- адекватно использовать различные методы молекулярного анализа
-самостоятельно планировать ход лабораторной работы,
- анализировать полученные данные

3. должен владеть:

-традиционными и молекулярными методами анализа систематического статуса вида, группы

4. Структура и содержание дисциплины/ модуля

Общая трудоемкость дисциплины составляет зачетных(ые) единиц(ы) 108 часа(ов).

Форма промежуточного контроля дисциплины экзамен в 1 семестре.

Суммарно по дисциплине можно получить 100 баллов, из них текущая работа оценивается в 50 баллов, итоговая форма контроля - в 50 баллов. Минимальное количество для допуска к зачету 28 баллов.

86 баллов и более - "отлично" (отл.);

71-85 баллов - "хорошо" (хор.);
55-70 баллов - "удовлетворительно" (удов.);
54 балла и менее - "неудовлетворительно" (неуд.).

4.1 Структура и содержание аудиторной работы по дисциплине/ модулю

Тематический план дисциплины/модуля

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
1.	Тема 1. Основные программы современной систематики	9	1	0	0	0	
2.	Тема 2. Таксономическое исследование животного царства.	9	2	0	0	0	
3.	Тема 3. Видовая гипотеза и ее проверка: уточнение характера изменчивости, поиск новых признаков. Морфометрия и статистическое распознавание. Гибридизация. Поведение. Хемотаксономия. Полиморфизм белков. Метод гель-электрофореза. Нуклеиновые кислоты: гибридизация ядерной ДНК. Реакция полимеразной цепи: митохондриальная ДНК, рибосомальная РНК. Логика применения традиционных и молекулярных методов.	9	3-4	0	0	0	

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
4.	Тема 4. Инфраструктура исследований по систематике животных: зоологические коллекции и зоологические музеи. Практика музейной работы. Библиотеки, базы данных и рабочие сети. Предмет филогенетики и систематики. Соотношение их между собой. Кладистика как основа современной филогенетики. Основная идея кладистического анализа. Три постулата кладистики. Алгоритм кладистического исследования.	9	4	0	0	0	

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
5.	Тема 5. Предмет молекулярной филогенетики. Краткая история возникновения и развития молекулярной филогенетики. Основные типы данных, которыми оперирует молекулярная филогенетика. Диапазон эволюционной шкалы, в котором работают разные типы данных. Понятие сходства и гомологии в молекулярной филогенетике. Три возможных типа гомологии генов. Элементы филогенетического дерева. Узлы внешние и внутренние, масштабированные и немасштабированные деревья. Корневые и бескорневые деревья. Число возможных вариантов деревьев в зависимости от числа анализируемых таксонов (операциональных таксономических единиц, ОТЕ). Дерево истинное и сконструированное. Понятия моно- поли- и парафилии на примере филогенетических связей рептилий и птиц. Дерево генов и дерево видов, случаи их несовпадения. Общее представление о методах реконструкции филогенетических						

деревьев на основе молекулярных данных.

9	5-6	0	0	0		

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
6.	Тема 6. Выравнивание нуклеотидных (аминокислотных) последовательностей. Основные методы реконструкции филогении, их соотношение с типом используемых молекулярных данных. Метод попарного невзвешенного кластирования с арифметическим усреднением (UPGMA). Главные дистанционные методы построения деревьев. Понятие ближайших соседей и правило четырех точек. Общий принцип построения дерева методом отношения ближайших соседей. Сопоставление филогенетических деревьев, построенных методами отношения ближайших соседей и UPGMA. Общее представление о методе связывания ближайших соседей (Neighbor-joining, NJ). Представление о методе минимальной эволюции. Определение длины ветвей на филогенетическом дереве.	9	6-7	0	0	0	

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
7.	Тема 7. Методы, основанные на анализе рядов дискретных состояний признаков (нуклеотидных и аминокислотных последовательностей). Метод максимальной экономии. Принципы построения филогенетического дерева на примере четверки нуклеотидных последовательностей. Филогенетически информативные позиции. Критерии оптимальности реконструированного дерева. Причины неоднозначности реконструкций методом максимальной экономии. Принципы построения деревьев для большого числа ОТЕ. Общее представление о методе максимального правдоподбия (Maximum Likelihood, ML). Критерий оптимальности ML деревьев. Сравнение эффективности разных методов и статистическая оценка достоверности филогенетических реконструкций. Принципы и критерии оценки эффективности разных методов реконструкции.	9	7-8	0	0	0	

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
8.	Тема 8. Современные представления о филогении эукариот. Ультраструктурные и молекулярные признаки монофилетических крупных таксонов. Проблема сестринской группы Metazoa. DRIPS и Mesomycetozoa. Монофилия Metazoa. Низшие Metazoa и задача определения сестринской группы Bilateria. Родственные связи упростившихся многоклеточных (Trichoplax, Rhombozoa, Orthonectida, Myxozoa).	9	8-9	0	0	0	
9.	Тема 9. Филогения Bilateria. Монофилия Bilateria. Применение молекулярных данных для проморфологии. Гипотезы Articulata и Ecdysozoa. Концепция Lophotrochozoa. Альтернативные точки зрения на положение плоских червей в системе Bilateria. Acoela и проблема преодоление артефактов притяжения длинных ветвей. Филогения типов Deuterostomia и выводы об эволюции их плана строения.	9	9-10	0	0	0	
.	Тема . Итоговая форма контроля	1		0	0	0	экзамен
	Итого			0	0	0	

4.2 Содержание дисциплины

Тема 1. Основные программы современной систематики

Тема 2. Таксономическое исследование животного царства.

Тема 3. Видовая гипотеза и ее проверка: уточнение характера изменчивости, поиск новых признаков. Морфометрия и статистическое распознавание. Гибридизация. Поведение. Хемотаксономия. Полиморфизм белков. Метод гель-электрофореза. Нуклеиновые кислоты: гибридизация ядерной ДНК. Реакция полимеразной цепи: митохондриальная ДНК, рибосомальная РНК. Логика применения традиционных и молекулярных методов.

Тема 4. Инфраструктура исследований по систематике животных: зоологические коллекции и зоологические музеи. Практика музейной работы. Библиотеки, базы данных и рабочие сети. Предмет филогенетики и систематики. Соотношение их между собой. Кладистика как основа современной филогенетики. Основная идея кладистического анализа. Три постулата кладистики. Алгоритм кладистического исследования.

Тема 5. Предмет молекулярной филогенетики. Краткая история возникновения и развития молекулярной филогенетики. Основные типы данных, которыми оперирует молекулярная филогенетика. Диапазон эволюционной шкалы, в котором работают разные типы данных. Понятие сходства и гомологии в молекулярной филогенетике. Три возможных типа гомологии генов. Элементы филогенетического дерева. Узлы внешние и внутренние, масштабированные и немасштабированные деревья. Корневые и бескорневые деревья. Число возможных вариантов деревьев в зависимости от числа анализируемых таксонов (операциональных таксономических единиц, OTE). Дерево истинное и сконструированное. Понятия моно- поли- и парафилии на примере филогенетических связей рептилий и птиц. Дерево генов и дерево видов, случаи их несовпадения. Общее представление о методах реконструкции филогенетических деревьев на основе молекулярных данных.

Тема 6. Выравнивание нуклеотидных (аминокислотных) последовательностей. Основные методы реконструкции филогении, их соотношение с типом используемых молекулярных данных. Метод попарного невзвешенного кластирования с арифметическим усреднением (UPGMA). Главные дистанционные методы построения деревьев. Понятие ближайших соседей и правило четырех точек. Общий принцип построения дерева методом отношения ближайших соседей. Сопоставление филогенетических деревьев, построенных методами отношения ближайших соседей и UPGMA. Общее представление о методе связывания ближайших соседей (Neighbor-joining, NJ). Представление о методе минимальной эволюции. Определение длины ветвей на филогенетическом дереве.

Тема 7. Методы, основанные на анализе рядов дискретных состояний признаков (нуклеотидных и аминокислотных последовательностей). Метод максимальной экономии. Принципы построения филогенетического дерева на примере четверки нуклеотидных последовательностей. Филогенетически информативные позиции. Критерии оптимальности реконструированного дерева. Причины неоднозначности реконструкций методом максимальной экономии. Принципы построения деревьев для большого числа OTE. Общее представление о методе максимального правдоподбия (Maximum Likelihood, ML). Критерий оптимальности ML деревьев. Сравнение эффективности разных методов и статистическая оценка достоверности филогенетических реконструкций. Принципы и критерии оценки эффективности разных методов реконструкции.

Тема 8. Современные представления о филогении эукариот. Ультраструктурные и молекулярные признаки монофилетических крупных таксонов. Проблема сестринской группы Metazoa. DRIPS и Mesomycetozoa. Монофилия Metazoa. Низшие Metazoa и задача определения сестринской группы Bilateria. Родственные связи упростившихся многоклеточных (Trichoplax, Rhombozoa, Orthonectida, Myxozoa).

Тема 9. Филогения Bilateria. Монофилия Bilateria. Применение молекулярных данных для проморфологии. Гипотезы Articulata и Ecdysozoa. Концепция Lophotrochozoa. Альтернативные точки зрения на положение плоских червей в системе Bilateria. Acoela и проблема преодоление артефактов притяжения длинных ветвей. Филогения типов Deuterostomia и выводы об эволюции их плана строения.

ЭЛЕКТРОННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
ИНФОРМАЦИОННО-АНАЛИТИЧЕСКАЯ СИСТЕМА КФУ

5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения

в ходе освоения данного курса используются инновационные мультимеийные технологии с визуализацией лекционного материала, а также интерактивные методы работы - выполнение практических работ, лабораторных исследований для решения конкретной ситуационной задачи, а также с целью уверенного освоения методов молекулярного анализа, приобретения навыков научной и логичной интерпретации результатов

6. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины и учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов

Тема 1. Основные программы современной систематики

Тема 2. Таксономическое исследование животного царства.

Тема 3. Видовая гипотеза и ее проверка: уточнение характера изменчивости, поиск новых признаков. Морфометрия и статистическое распознавание. Гибридизация. Поведение. Хемотаксономия. Полиморфизм белков. Метод гель-электрофореза. Нуклеиновые кислоты: гибридизация ядерной ДНК. Реакция полимеразной цепи: митохондриальная ДНК, рибосомальная РНК. Логика применения традиционных и молекулярных методов.

Тема 4. Инфраструктура исследований по систематике животных: зоологические коллекции и зоологические музеи. Практика музейной работы. Библиотеки, базы данных и рабочие сети. Предмет филогенетики и систематики. Соотношение их между собой. Кладистика как основа современной филогенетики. Основная идея кладистического анализа. Три постулата кладистики. Алгоритм кладистического исследования.

Тема 5. Предмет молекулярной филогенетики. Краткая история возникновения и развития молекулярной филогенетики. Основные типы данных, которыми оперирует молекулярная филогенетика. Диапазон эволюционной шкалы, в котором работают разные типы данных. Понятие сходства и гомологии в молекулярной филогенетике. Три возможных типа гомологии генов. Элементы филогенетического дерева. Узлы внешние и внутренние, масштабированные и немасштабированные деревья. Корневые и бескорневые деревья. Число возможных вариантов деревьев в зависимости от числа анализируемых таксонов (операциональных таксономических единиц, OTE). Дерево истинное и сконструированное. Понятия моно- поли- и парафилии на примере филогенетических связей рептилий и птиц. Дерево генов и дерево видов, случаи их несовпадения. Общее представление о методах реконструкции филогенетических деревьев на основе молекулярных данных.

Тема 6. Выравнивание нуклеотидных (аминокислотных) последовательностей. Основные методы реконструкции филогении, их соотношение с типом используемых молекулярных данных. Метод попарного невзвешенного кластирования с арифметическим усреднением (UPGMA). Главные дистанционные методы построения деревьев. Понятие ближайших соседей и правило четырех точек. Общий принцип построения дерева методом отношения ближайших соседей. Сопоставление филогенетических деревьев, построенных методами отношения ближайших соседей и UPGMA. Общее представление о методе связывания ближайших соседей (Neighbor-joining, NJ). Представление о методе минимальной эволюции. Определение длины ветвей на филогенетическом дереве.

Тема 7. Методы, основанные на анализе рядов дискретных состояний признаков (нуклеотидных и аминокислотных последовательностей). Метод максимальной экономии. Принципы построения филогенетического дерева на примере четверки нуклеотидных последовательностей. Филогенетически информативные позиции. Критерии оптимальности реконструированного дерева. Причины неоднозначности реконструкций методом максимальной экономии. Принципы построения деревьев для большого числа ОТЕ. Общее представление о методе максимального правдоподбия (Maximum Likelihood, ML). Критерий оптимальности ML деревьев. Сравнение эффективности разных методов и статистическая оценка достоверности филогенетических реконструкций. Принципы и критерии оценки эффективности разных методов реконструкции.

Тема 8. Современные представления о филогении эукариот. Ультраструктурные и молекулярные признаки монофилетических крупных таксонов. Проблема сестринской группы Metazoa. DRIPS и Mesomycetozoa. Монофилия Metazoa. Низшие Metazoa и задача определения сестринской группы Bilateria. Родственные связи упростившихся многоклеточных (Trichoplax, Rhombozoa, Orthonectida, Myxozoa).

Тема 9. Филогения Bilateria. Монофилия Bilateria. Применение молекулярных данных для проморфологии. Гипотезы Articulata и Ecdysozoa. Концепция Lophotrochozoa. Альтернативные точки зрения на положение плоских червей в системе Bilateria. Acoela и проблема преодоление артефактов притяжения длинных ветвей. Филогения типов Deuterostomia и выводы об эволюции их плана строения.

Тема . Итоговая форма контроля

Примерные вопросы к экзамену:

отчеты по практическим работам, коллоквиумы- семинары, подготовка реферативных обзоров по предлагаемой тематике

ВОПРОСЫ К ЭКЗАМЕНУ

1. Краткая история систематики и филогенетики беспозвоночных
2. История применения молекулярно-генетических методов в систематике беспозвоночных
3. Основные принципы кладистики
4. Метод гель-электрофореза
5. Понятие сходства и гомологии в молекулярной филогенетике.
6. Понятия моно- поли- и парафилии на примере филогенетических связей рептилий и птиц
7. Общий принцип построения дерева методом отношения ближайших соседей.
8. Принципы построения филогенетического дерева на примере четверки нуклеотидных последовательностей.
9. Современные представления о филогении эукариот на основе ультраструктурных и молекулярных данных
10. Проблема филогенетических отношений низших билатерий
11. Филогенетические отношения между таксонами Ecdysozoa, Lophotrochozoa, Deuterostomia.
12. Альтернативные точки зрения на положение плоских червей в системе Bilateria

7.1. Основная литература:

Фаллер Д.М. Молекулярная биология клетки.-Москва: Бином-Пресс, 2006.-256 с. (10 экз. в НБ)

Рис Э., Стернберг М. Введение в молекулярную биологию. От клеток к атомам. М.: Мир, 2002. (50 экз. в НБ)

Международный кодекс зоологической номенклатуры: Принят Междунар. союзом биол. наук .-СПб.: Зоол. ин-т Рос. АН, 2000.-221с. (2 экз. в НБ)

МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ.Т.42,◆1.-2008. (1экз. в НБ)

Вычислительная филогенетика и геносистематика "ВФГС' 2007" = Computational phylogenetics and molecular systematics "CPMS' 2007": к 50-летию становления отечественной филогенетики и геносистематики: материалы международной конференции, 16-19 ноября 2007 г., г.-Москва: Т-во науч. изд. КМК, 2007.-381 с. .(1 экз. в НБ)

7.2. Дополнительная литература:

Шаталкин А. И. Биологическая систематика / А. И. Шаталкин.-Москва: Изд-во МГУ, 1988.-182. (6 экз. в НБ)

Шаталкин, А. И. "Философия зоологии" Жана Батиста Ламарка: взгляд из XXI-Москва: Товарищество научных изданий КМК, 2009.-606 с. (2 экз. в НБ) <URL:http://z3950.ksu.ru/bcover/0-781943_con.pdf>.

Andrew G. McArthur. Invertebrate Molecular Systematics (onyx.si.edu)(2009)

Roderic D. M. Page, Edward C. Holmes Molecular evolution: a phylogenetic approach. Oxword: Blackwell Science, 2003.

Techniques in Molecular Systematics and Evolution/DeSalle, Rob; Giribet, Gonzalo; Wheeler, Ward (Eds.). - Birkhäuser, 2000.

Принципы и методы зоологической систематики (Тр. Зоол. ин-та АН СССР, Т. 206). - Л., 1989. - 224 с.

7.3. Интернет-ресурсы:

8. Материально-техническое обеспечение дисциплины/модуля согласно утвержденному учебному плану

Освоение дисциплины "Молекулярно-генетический анализ в систематике и филогении беспозвоночных" предполагает использование следующего материально-технического обеспечения:

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВПО и учебным планом по направлению 020400.68 "Биология" и магистерской программе Зоология беспозвоночных .

Автор(ы):
Сабиров Р.М. _____
Гусев О.А. _____
"__" _____ 201 __ г.

Рецензент(ы):
Голубев А.И. _____
"__" _____ 201 __ г.