



Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
«Ботанический сад-институт ДВО РАН»
(БСИ ДВО РАН)

«ОДОБРЕНО»
на заседании Учёного совета
БСИ ДВО РАН

«14» июля 2015 г.

Протокол № 5

«УТВЕРЖДАЮ»
Директор
Ботанического сада института ДВО
РАН

Крестов П.В.
(подпись) (Ф.И.О.)
« 15 » июля 2015 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ (РПУД)

ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСТРОЕНИЙ

**направление подготовки 06.06.01 Биологические науки
профиль «Ботаника»**

Образовательная программа «Ботаника»
Форма подготовки очная

курс 2 семестр 34
лекции 18 час. /0,5 з.е.
практические занятия 18 час. / 1 з.е.
лабораторные работы _____ час. / _____ з.е.
всего часов аудиторной нагрузки 36 (час.) / 1 з.е.
самостоятельная работа 108 час. / 3 з.е.
контрольные работы (количество)
курсовая работа / курсовой проект _____ семестр
зачет 3 семестр
экзамен 4 семестр

Рабочая программа составлена в соответствии с требованиями федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.06.01 Биологические науки (уровень подготовки кадров высшей квалификации), утвержденного приказом министерства образования и науки РФ от 30 июля 2014 г. № 871

Составители: д-р биол. наук, доцент лаборатории эмбриологии ИБМ ДВО РАН, А.В. Чернышёв, к.б.н. с.н.с. лаборатории флоры БСИ ДВО РАН В.Е. Харченко

Оборотная сторона титульного листа программы

I. Рабочая программа пересмотрена на заседании учебно-научной кафедры:

Протокол от « _____ » _____ 20__ г. № _____

Заведующий кафедрой _____

(подпись)

(И.О. Фамилия)

II. Рабочая программа пересмотрена на заседании учебно-научной кафедры:

Протокол от « _____ » _____ 20__ г. № _____

Заведующий кафедрой _____

(подпись)

(И.О. Фамилия)

АННОТАЦИЯ

Дисциплина «Теория и практика филогенетических построений» предназначена для аспирантов, обучающихся по образовательной программе «Ботаника» и входит в вариативную часть учебного плана, являясь дисциплиной по выбору.

Рабочая программа учебной дисциплины сформирована в соответствии с Федеральным государственным образовательным стандартом по направлению подготовки 06.06.01 Биологические науки (уровень подготовки кадров высшей квалификации) (Приказ Минобрнауки России от 30.07.2014 № 871), Порядком организации и осуществления образовательной деятельности по программам подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре (Приказ Минобрнауки России от 19.11.2013 № 1259), учебным планом подготовки аспирантов по профилю «Ботаника».

Цель

Познакомить аспирантов с теорией и практикой филогенетических построений, сформировать у них навыки филогенетического анализа таксонов.

Задачи

Через освоение аспирантами «Теории и практики филогенетических построений» сформировать у аспирантов общепрофессиональные и профессиональные компетенции.

Компетенции выпускника, формируемые в результате изучения дисциплины.

Общепрофессиональные компетенции:

- способность самостоятельно осуществлять научно-исследовательскую деятельность в ботанике с использованием современных методов исследования и информационно-коммуникационных технологий (ОПК-1).

Профессиональные компетенции:

- Готовность использовать в профессиональной деятельности знаний фундаментальных и прикладных разделов современной ботаники (ПК-1);
- Готовность выявлять причинно-следственные связи в развитии растений и биотопов (ПК-2);
- Готовность применять современные компьютерные технологии при проведении ботанических исследований (ПК-4).

Требования к уровню усвоения содержания дисциплины.

Аспиранты должны приобрести следующие знания и умения:

Требования к уровню усвоения содержания дисциплины.

После изучения курса «Основы кладистики» аспирант должен:

Знать:

- - основные методы научно-исследовательской деятельности, основы информационно-коммуникационных технологий;
- - принципы строения, развития и классификации растений, особенности их распространения и эволюции;
- - принципы выявления причинно-следственных связей в развитии растений и биотопов;
- - современные компьютерные технологии, применяемые при сборе и анализе информации для ботанических исследований.

Уметь:

- - осуществлять отбор материала, характеризующего достижения науки с учетом специфики направления подготовки, избегать автоматического применения стандартных формулировок и приемов при решении задач;
- - применять полученные знания для решения конкретных задач в области ботаники;
- - выявлять причинно-следственные связи в развитии растений и биотопов;

- - использовать современные компьютерные технологии в ходе ботанических исследований.
- **Владеть:**
- - базовыми технологиями обработки информации, первичными навыками работы с информационно-коммуникационными технологиями;
- - современными методами анализа структуры растений и их развития
- современными методами изучения растений и биотопов ;
- - выявлять причинно-следственные связи в развитии растений и биотопов;
- - навыками использования современных компьютерных технологий при проведении ботанических исследований.

Интерактивные формы обучения составляют 36 часов и включают в себя 18 часов лекционных занятий (лекция-визуализация), 18 часов практических занятий (групповая консультация).

I. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ТЕОРЕТИЧЕСКОЙ ЧАСТИ КУРСА

МОДУЛЬ 1. История филогенетики (6 час)

Тема 1. История филогенетических построений до становления кладистики (3 час)

Первые филогенетические схемы в первой половине 19 века. Значение теории Дарвина для филогенетики. Филогенетические построения во второй половине 19 века, понятие «эволюционного древа». Метод тройного параллелизма Э. Геккеля. Развитие эволюционной палеонтологии. Номогенез и его роль в филогенетических реконструкциях. Работы Симпсона в области филогенетики. (Лекция с использованием мультимедийной презентации).

Тема 2. История кладистического анализа (3 час)

Вилли Хенниг – создатель теории филогенетической систематики. Противопоставление филогенетической и нефилогенетической систематики.

Сходство как мера родства. Апоморфные и плезиоморфные состояния. Синапоморфии, симплезиоморфии. Моно-, пара- и полифилетические группы. Кладограмма как отражение филогении: дихотомия, сестринские группы, клады. Критика кладизма классиками традиционной систематики. Развитие кладистики в 70-80 гг.: паттерн-кладистика, внегрупповое сравнение, принципы парсимонии и конгруэнтности. Компьютерная кладистика: ее принципы и отличия от классической кладистики. Кладистика и современная палеонтология. (Лекция с использованием мультимедийной презентации).

МОДУЛЬ 2. Практика филогенетических построений (6 час)

Тема 1. Методы классической кладистики (3 час)

Морфологические ряды и методы их построения. Векторизация морфологического ряда, критерии направленности. Понятия апоморфий и плезиоморфий. Синапоморфии и симплезиоморфии. Выдвижение гипотезы синапоморфии и ее тестирование. Принцип конгруэнтности. Принцип парсимонии: философские основания парсимонии («брита Оккама»), типы экономности, длина кладограммы.

Тема 2. Название темы. Методы компьютерной кладистики (3 час)

Практика компьютерного кладистического анализа. Основные принципы работы с PAUP и Winclad. Составление исходных параметров для построения кладограмм на основе морфологических признаков. Консенсусные кладограммы и алгоритмы их построения. Молекулярно-филогенетические построения.

МОДУЛЬ 3. Частная филогенетика (6 час.)

Тема 1. Развитие филогенетических построений у простейших (3 час)

Классические представления о филогении простейших и растений. «Молекулярная» революция в филогенетике простейших и беспозвоночных. Многоцарственная система. Основные эволюционные ветви растений.

Тема 2. Развитие филогенетических построений у цветковых (3 час)

Некладистические филогенетические схемы хордовых и альтернативные им кладистические воззрения. Проблема парафилии рептилий. «Молекулярная» революция в филогенетике цветковых. Конфликт «молекулярных» деревьев с палеонтологическими данными.

СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ПРАКТИЧЕСКОЙ ЧАСТИ КУРСА

Практические занятия (36 час)

Занятие 1. Тема: Подбор данных для компьютерного кладистического анализа (6 час)

Выбор группы для кладистического анализа: принцип полноты, внешняя группа. Подбор признаков: би- и мультимодальные признаки, морфологические и неморфологические признаки, мерономия признаков. Проблемы отбора признаков и их априорного взвешивания. Методы кодировки состояний: мультимодальная и бимодальная кодировка, отсутствие данных, понятие gap. Программа Nexus Editor для набора матрицы «таксон/признак».

Мультимедийная презентация 7.

Программа Nexus Editor.

Определители и справочники для подбора признаков.

2 часа занятия проходят с использованием МАО в форме мастер-класса.

Занятие 2. Тема: Построение и анализ кладограмм с помощью программы PAUP на основе собственной матрице данных (6 час.)

Исходные параметры для построения кладограмм на основе морфологических признаков. Консенсусные кладограммы и алгоритмы их построения. Важнейшие команды. Оценка и оптимизация кладограмм. Bootastrap и Jackknife анализ. Основные индексы оценки кладограммы (CI, RI, RC и HI). Взвешивание в компьютерной кладистике. Влияние внешних групп на топологию кладограммы.

Мультимедийная презентация 7.

Программа Nexus Editor.

Программа PAUP

3 часа занятия проходят с использованием МАО в форме мастер-класса.

Занятие 3. Тема: Построение и анализ кладограмм с помощью программы PAUP на основе матриц, взятых из статей (6 час)

Тестирование кладограмм на предмет «устойчивости». Проверка корректности эволюционных трансформаций. Эксперимент с минимальной насыщенностью матрицы.

Методы активной работы: активная критика построенной кладограммы, подход «прокурор» по отношению к взятым данным, результатом которого должно стать критическое отношение к методам компьютерной кладистики, внедрение тезиса «опубликованное может быть недостоверным».

Программа Nexus Editor.

Программа RAUP

Подбор статей для копирования и анализа данных.

2 часа занятия проходят с использованием MAO в форме метода экспертизы.

Занятие 4. Построение и анализ кладограмм с помощью программы MEGA на основе молекулярно-генетических данных (6 час)

GenBank: общие сведения, поиск сиквенсов. Программа MEGA: ввод данных, выравнивание, алгоритмы построения кладограмм на основе консервативных и неконсервативных генов. Сравнение деревьев, построенных разными алгоритмами на основе разных последовательностей. Тестирование базовых филогенетических гипотез - гипотезы Edysozoa и парафилии рептилий.

Программа MEGA

Выход в интернет и работа с GenBank

3 часа занятия проходят с использованием MAO в форме мастер-класса.

Занятие 5. Анализ «проблемных» филогенетических схем (6 час)

Анализ «проблемных» молекулярно-генетических схем в работах зарубежных авторов с 2000 г. по настоящее время. Вскрытие основных ошибок. Поиск недостоверных сиквенсов. Феномен «тыквенного пирога». «Парадоксальные» деревья и феномен «длинных ветвей».

Мультимедийная презентация 8.

Программа MEGA

Выход в интернет и работа с GenBank

Подбор статей для анализа данных.

2 часа занятия проходят с использованием МАО в форме дискуссии.

Занятие 6. Представление кладограмм, построенных на основе данных, выбранных в ходе самостоятельной работы (6 час)

Анализ «морфологических» деревьев и их сравнение с «молекулярными» деревьями (построенными самостоятельно и взятыми из статей). Критика полученных результатов.

Программы Nexus Editor, RAUP и MEGA.

4 часа занятия проходят с использованием МАО в форме дебатов (каждый представляющий свою работу должен ее защитить, доказав «состоятельность» представленных кладограмм).

II. КОНТРОЛЬ ДОСТИЖЕНИЯ ЦЕЛЕЙ КУРСА

Фонд оценочных средств прилагается.

III. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература

1. Картавцев, Ю.Ф. Молекулярная эволюция и популяционная генетика: учебное пособие для вузов/ Ю.Ф. Картавцев. – Вл-к: Изд-во Дальневост. ун-та, 2009. – 280с.

[http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-](http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=24333)

[bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=24333](http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=24333)

2. ДНК-штрихкодирование видов и молекулярная филогенетика/Ин-т биологии моря им. А. В. Жирмунского ДВО РАН [и др.]. – 2008

[http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-](http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=29165)

[bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=29165](http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=29165)

3. Павлинов, И.Я. Введение в современную филогенетику (кладогенетический аспект)/ И.Я. Павлинов - М.: Изд-во КМК, 2005. - 391с.
http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=17602
4. Chase M.W., Reveal J.L. A phylogenetic classification of the land plants to accompany APG III // Botanical Journal of the Linnean Society 2009. Vol.161, N2, P. 22 - 127.
5. Интернет ресурс:
<http://www.mobot.org/MOBOT/Research/APweb/welcome.html>

Дополнительная литература

1. Шаталкин, А.И. Таксономия. Основания, принципы и правила / А. И. Шаталкин ; Ботанический музей МГУ. – М.: Товарищество научных изданий КМК, 2012. – 600 с.
http://libserver.cnb.dvo.ru/cgi-bin/irbis64r_01/cgiirbis_64.exe?P21DBN=ELCAT&I21DBN=ELCAT_PRINT&S21FMT=fullw_print&C21COM=F&Z21MFN=27113
<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:704381&theme=FEFU>
2. Лукашов, В. В. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ: учеб. пособие / В. В. Лукашов. - М. : БИНОМ. Лаб. знаний, 2009. - 256 с
3. Nei, Masatoshi. Molecular Evolution and Phylogenetics / Masatoshi Nei, Sudhir Kumar. - Oxford New York Athens: Oxford University Press, 2000. – XIV. - 333 pp. <http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:11323&theme=FEFU>
<http://libserver.cnb.dvo.ru/>
4. Биоразнообразие и динамика экосистем Северной Евразии. Т. 1 Ч. Молекулярно-генетические основы биоразнообразия: (животные и растения) Ч. 4: Разнообразие антропогенных геномов в Северной Евразии: эволюционные, популяционные и экологические аспекты. – 2000
<http://libserver.cnb.dvo.ru/>
5. Чиркин А. А. Биохимия филогенеза и онтогенеза/А. А. Чиркин, Е. О. Данченко, С. Б. Бокуть ; ред. А. А. Чиркин. - 2012

<http://libserver.cnb.dvo.ru/>

6. Павлинов, И.Я. История биологической систематики. Эволюция идей / И.Я. Павлинов - Саарбрюкен, 2013. - 476 с. <http://libserver.cnb.dvo.ru/>

7 Павлинов, И. Я. Биологическая систематика: Эволюция идей / И.Я. Павлинов, Г.Ю. Любарский; Ботанический музей МГУ. - М.: Товарищество научных изданий КМК, 2011. - 667с.

<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:417223&theme=FEFU>

<http://libserver.cnb.dvo.ru/>