



Великий практикум з загальної генетики

## Лабораторна робота № 5

**Тема:** Побудова філогенетичних зв'язків

**Мета:** обговорити методику побудови філогенетичних зв'язків, вивчити запропоновані приклади філогенетичних дерев, обговорити питання щодо розповсюдження людства по планеті Земля

**Обладнання:** зошити, методичні вказівки, літературні джерела.

### Хід роботи

**Завдання 1.** Подивитись фільм «Генетична Одисея людства»

Подивитись запропонований фільм та обговорити питання щодо поширення людства на планеті Земля. Звернути особливу увагу на методику використання дослідниками для встановлення шляхів міграції людини та приклади найдавніших «чистих» генотипів людини. У зошитах стисло написати основні шляхи та висловити своє ставлення до отриманої інформації.

**Завдання 2.** Опис методики побудови філогенетичних дерев у загальному вигляді

Вивчити запропоновані літературні джерела та спираючись на них скласти загальну схему побудови філогенетичних дерев, записати кілька прикладів програм та баз даних які використовуються при роботі з філогенетичними деревами. Створити модельне (спрощене) філогенетичне дерево родинних зв'язків якогось представника біосфери Землі. Можна використати такий сервіс:  
<http://www.onezoom.org/?fbclid=IwAR3H6sK1Vf7UhGyaYVdaJ0zN2vxKeLmlU08jGSXcQYRIUmyDM0vXa2cM-7A>

**Завдання 3.** Вивчити запропоновані приклади побудованих філогенетичних дерев, відобразити в зошиті 1-2 приклади.

Зробити загальні висновки з лабораторного заняття.



## Великий практикум з загальної генетики

Перелік використаних джерел:

1. Мартинюк В.О., Карпенко Н.І., Костіков І.Ю. Молекулярно-філогенетичний аналіз раритетних видів триби *Sileneae* флори України. *Наукові доповіді НУБіП України. Біологія, біотехнологія, екологія*. 2018. № 3 (73).
2. Демченко О.О. Систематика та філогенетичні зв'язки видів роду *Viburnum* L. *Інтродукція рослин*, 2005. № 2. С. 27-33.
3. Фіщук О. Філогенетичний аналіз деяких таксонів Однодольних за даними порівняльної морфології квітки. *Науковий вісник східноєвропейського національного університету імені Лесі Українки. Серія: Біологічні науки*, 2019. № 4 (388). С. 5-12.
4. Радченко М.М. та ін. Філогенетичний аналіз штаму *Bacillus subtilis* IFBG МК-2 та продукування рибофлавіну його індукованими клонами. *Цитологія і генетика*, 2021. Т. 55. № 2. С. 48-55.
5. Крамаренко О.С. та ін. Філогенетичні зв'язки південної м'ясної породи на підставі поліморфізму за локусами мікросателітів. *Таврійський науковий вісник*. № 91. С. 122-128.
6. Огірчук К.С., Коваленко Н.К. Філогенетичний аналіз нуклеотидної послідовності гена 16S рРНК пробіотичного штаму *Lactobacillus* sp. 55. *Мікробіологічний журнал*, 2016. Т. 78. № 2. С. 13-20.
7. АльДалаін Е. та ін. Філогенетичний аналіз вірусу мозаїки томату, виділеного з насіння *Lycopersicon esculentum* L.



# Великий практикум з загальної генетики ДОДАТОК – ПРИКЛАДИ ФІЛОГЕНЕТИЧНИХ ДЕРЕВ

Біологія, біотехнологія, екологія

Мартинюк В. О., Карпенко Н. І., Костіков І. Ю.

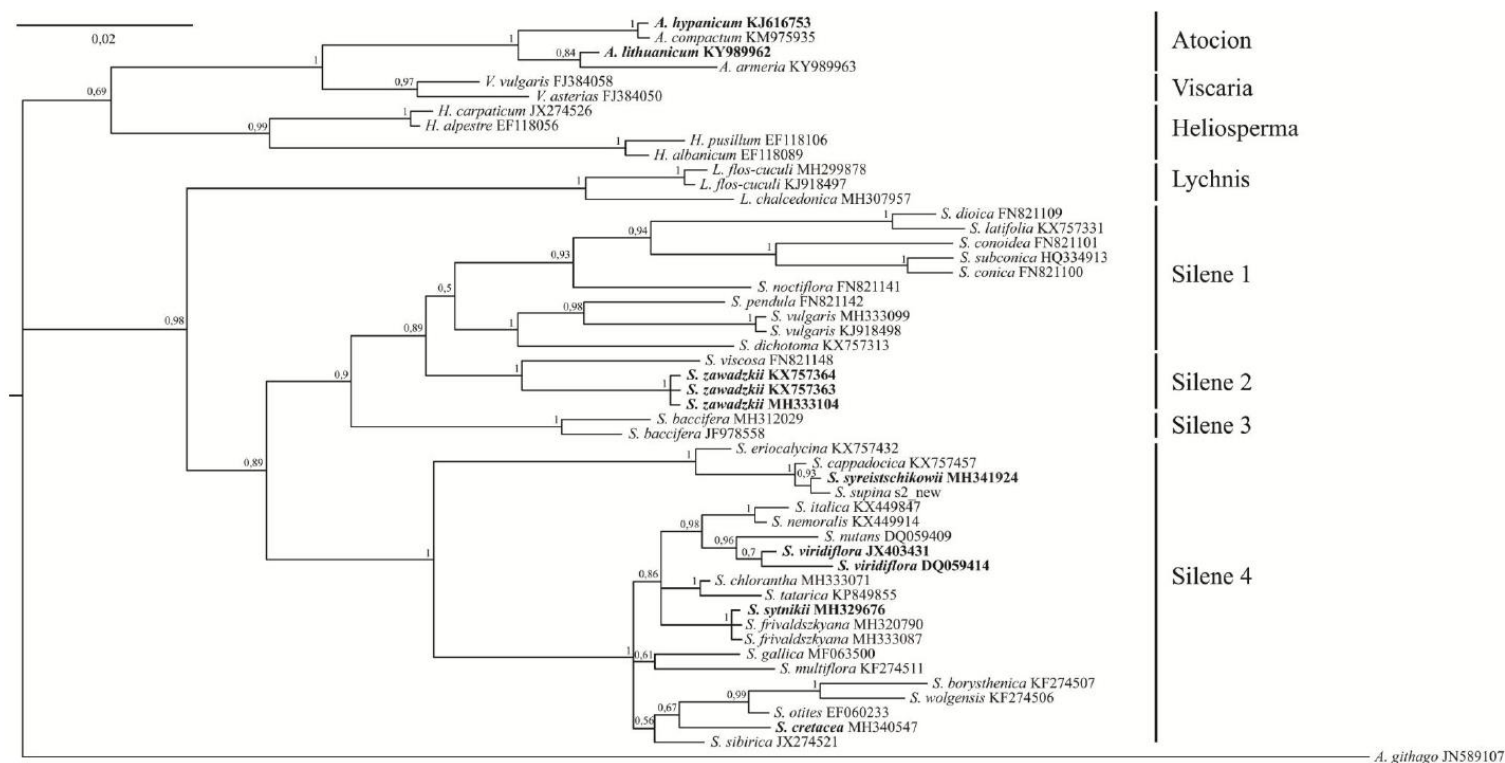


Рис. 1. Філогенетична реконструкція послідовностей ITS1-5,8S-ITS2 представників триби Sileneae, побудована з застосуванням Байєсівського підходу. Цифрові позначення над гілками – апостеріорна ймовірність. Після назви кожного таксону наводиться код доступу GenBank



# Великий практикум з загальної генетики

О.О. Демченко

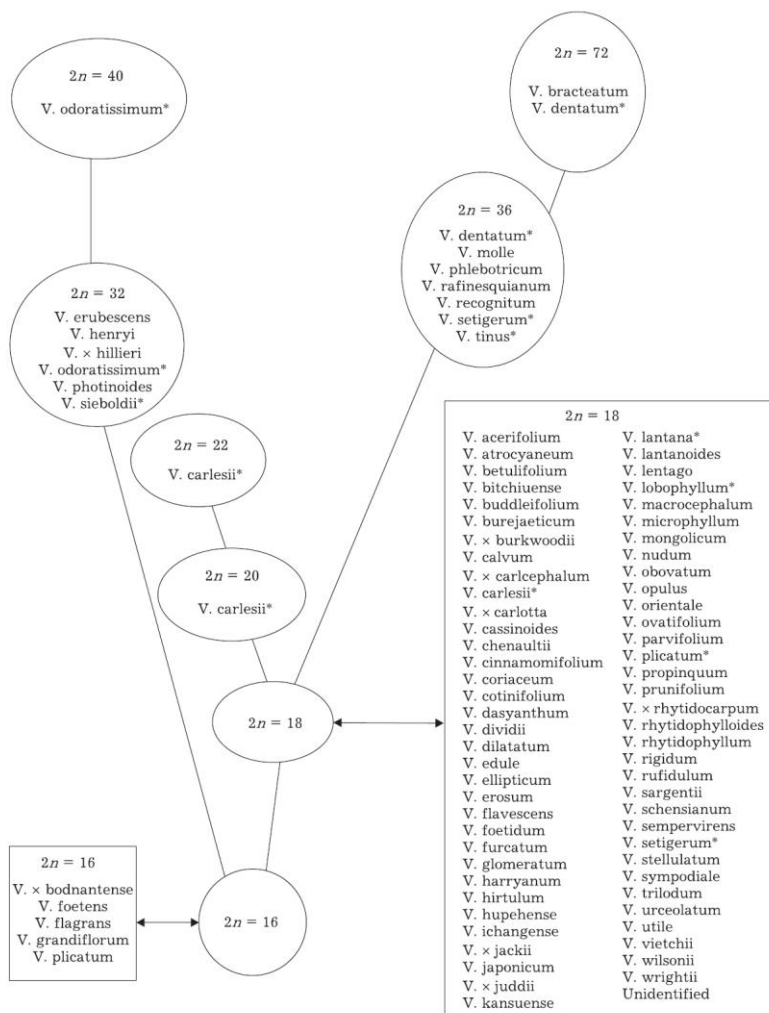


Рис. 1. Схема філогенетичних зв'язків видів роду *Viburnum* (за D.R. Egoif, 1962):

\* види з більш ніж одним хромосомним числом

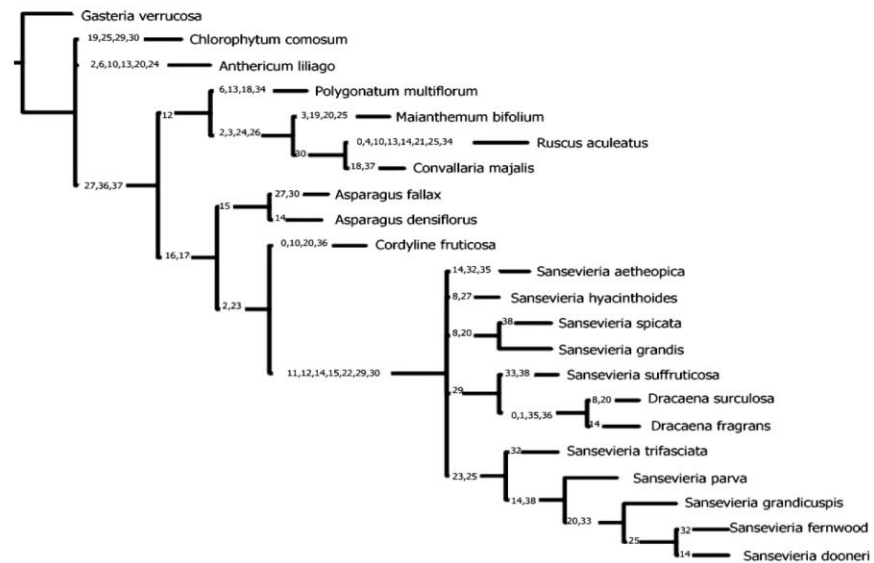


Рис. 2. Консенсусна кладограма спорідненості роду *Sansevieria* Thunb. та споріднених таксонів із зазначеними синапоморфіями



## Великий практикум з загальної генетики

### Філогенетичний аналіз штаму *Bacillus subtilis* IFBG МК-2 та продукування рибофлавіну

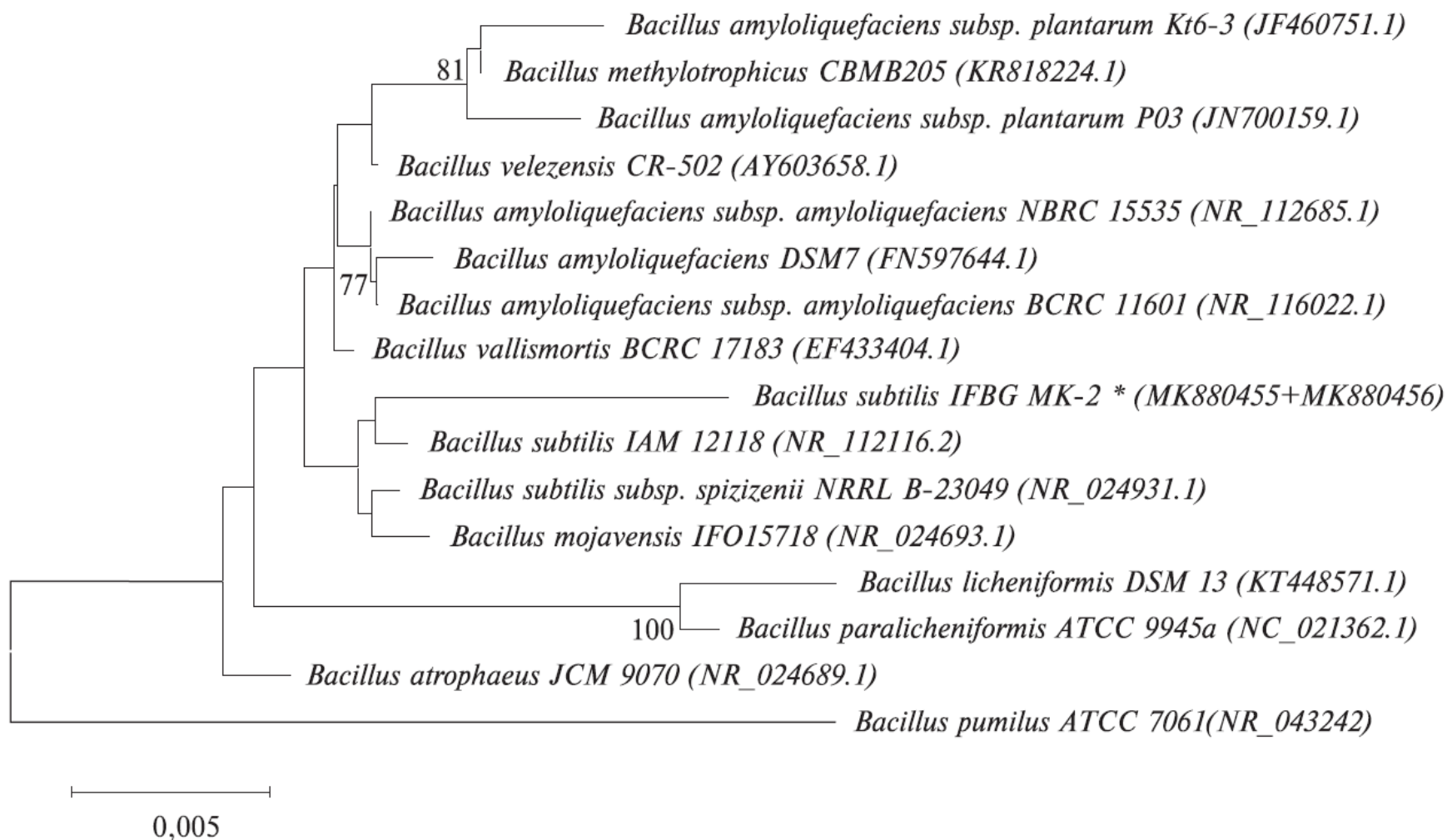


Рис. 1. Дендрограма генетичної подібності між штамом *B. subtilis* IFBG МК-2 та типовими штамами роду *Bacillus*

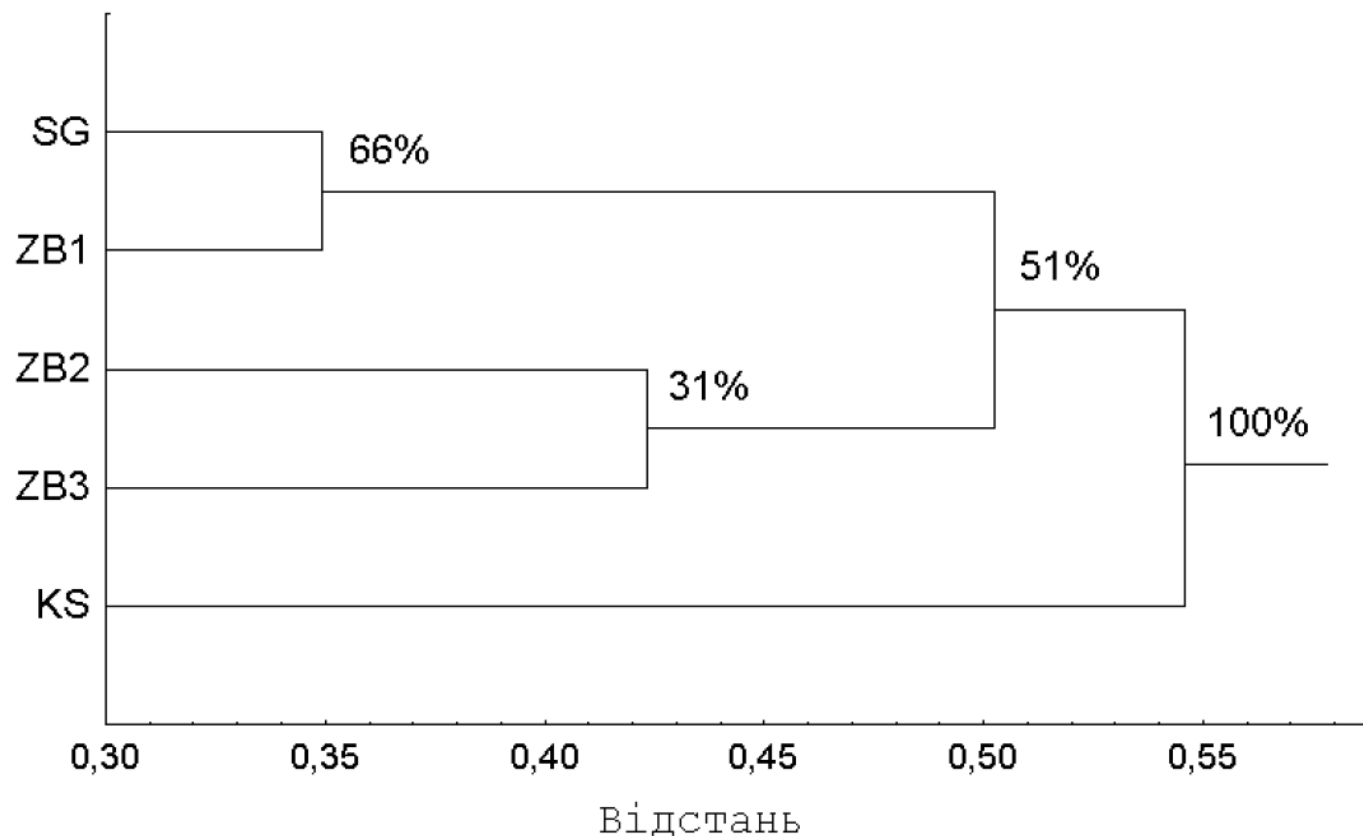


Рисунок 1. – UPGMA-дендрограма подібності на підставі матриці генетичної дистанції М. Нея за 12 локусами мікросателітів між тваринами різних порід ВРХ та зебу. (Надано bootstrap-оцінки ймовірності формування кожної “гілки”.)





# Великий практикум з загальної генетики

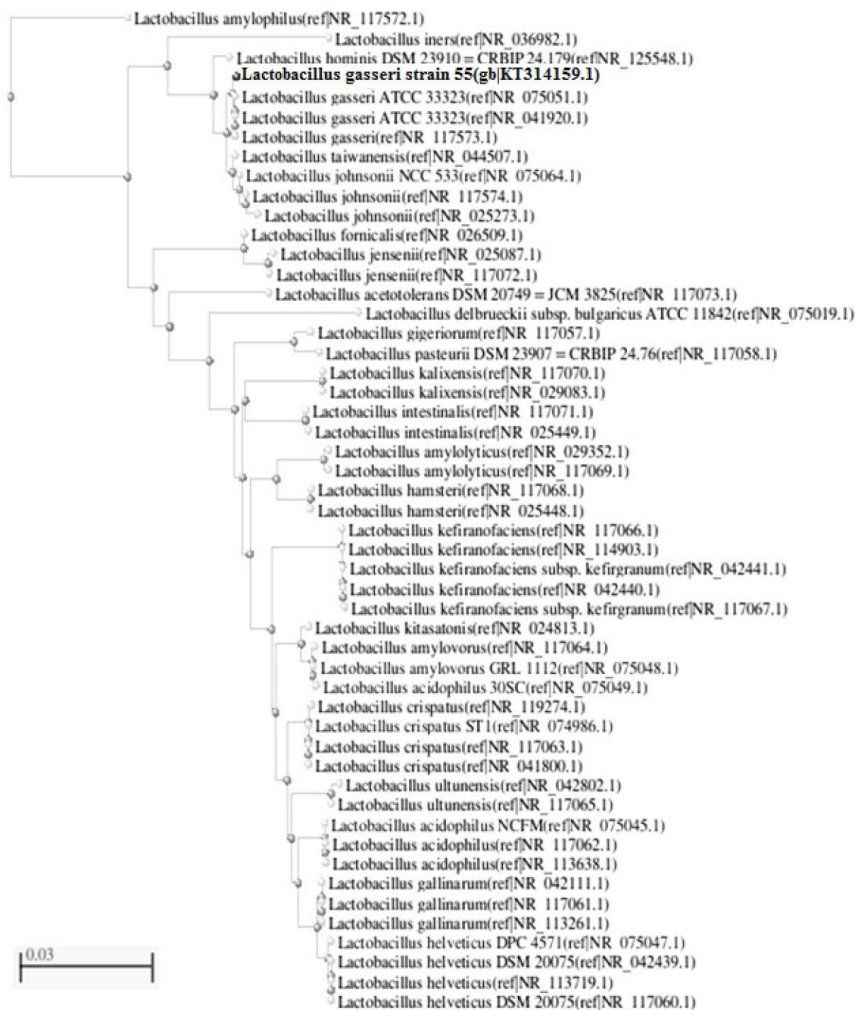


Рис. 3. Філогенетичне дерево, побудоване на основі аналізу фрагментів гена 16S рРНК штамів філогенетичної групи *Lactobacillus delbrueckii-acidophilus*

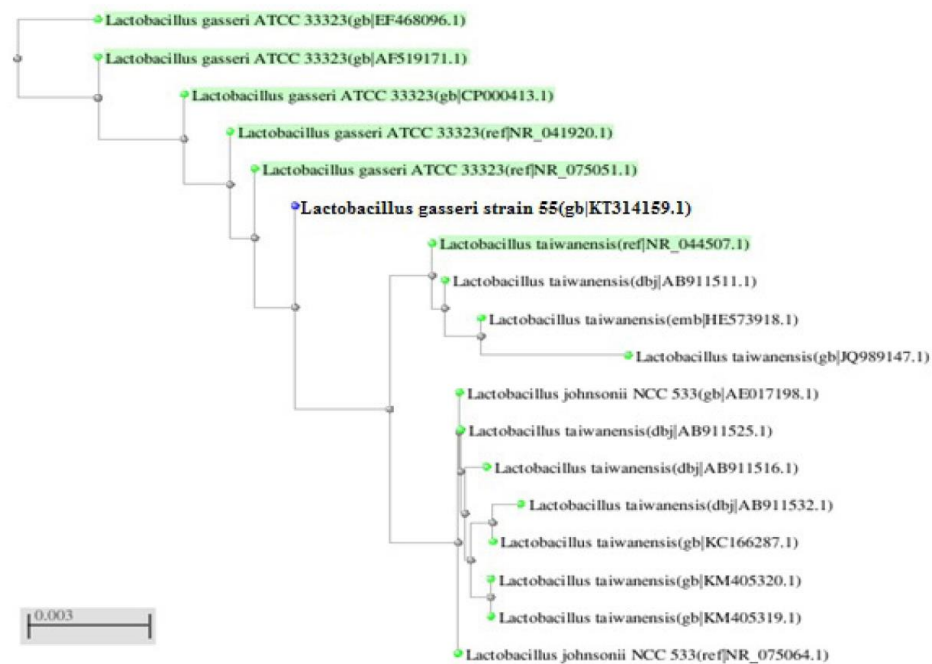


Рис. 4. Філогенетичне дерево, побудоване на основі аналізу фрагментів гена 16S рРНК штаму *Lactobacillus* sp. 55 підгрупи В філогенетичної групи *Lactobacillus delbrueckii-acidophilus*



## Великий практикум з загальної генетики

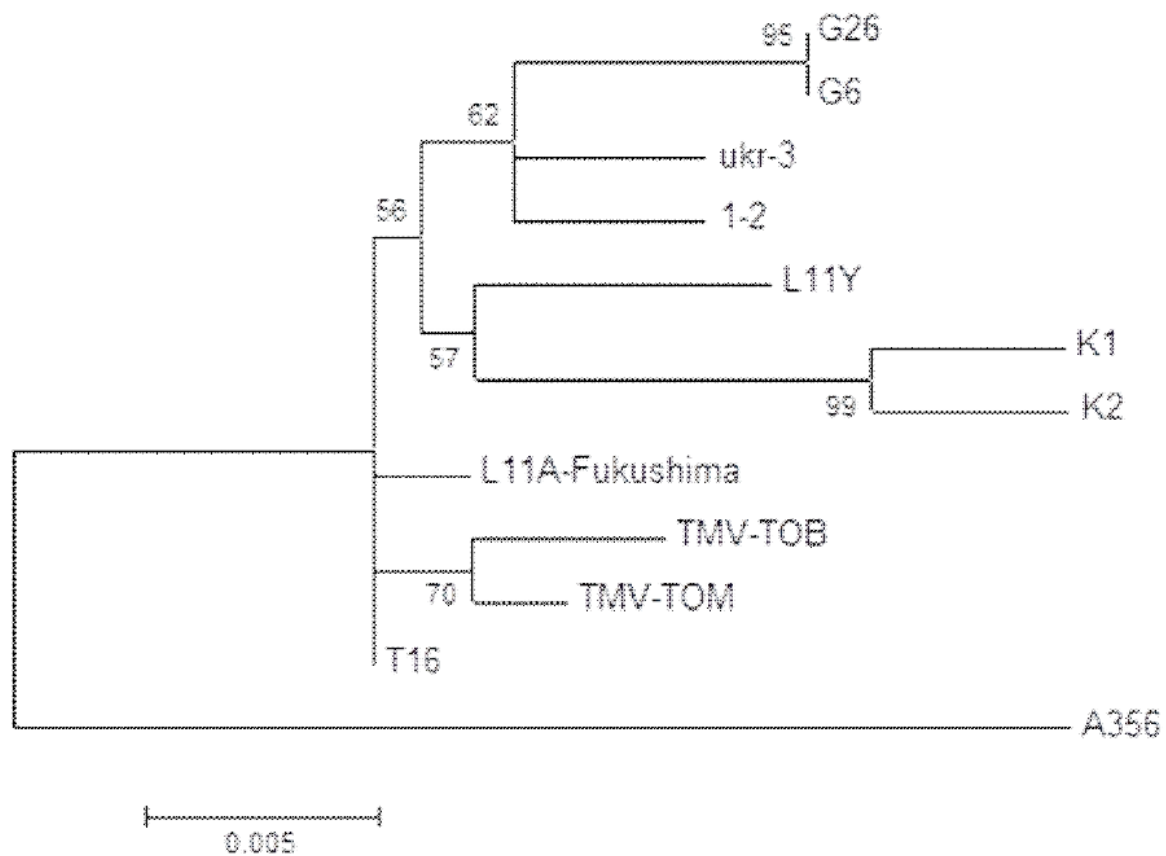


Рис. 3. Філогенетичне дерево для гена капсидного білка ВМТо, побудоване у програмі MEGA6 за допомогою методу максимальної подібності