

14 АПРЕЛЬ, 2022



Olympiad League

НАЦИОНАЛЬНАЯ ОЛИМПИАДА ПО БИОЛОГИИ НВО-4 2022

4-Этап Практика – Зоология Задания

OLYMPIAD LEAGUE

ЗООЛОГИЯ И БИОСИСТЕМАТИКА (70 БАЛЛОВ)

Данный раздел практического тура Национальной Олимпиады состоит из следующих дивизионов и будет посвящен черной тигровой креветке:

1) Зоология (30 балл):

1.1) (14 балл) Наружное строение креветки:

1.1.1) (10 балл) Отпрепарировать конечности креветки, расположить их на листе бумаги в соответствии их названиям.

1.1.2) (4 балл) Ответить на тестовые задания связанные с конечностями креветки.

1.2) (16 балл) Внутреннее строение креветки:

1.2.1) (13 балл) Вскрыть креветку со стороны карапакса и отпрепарировать нервный тяж целиком (с головы до кончика брюшки).

1.2.2) (3 балл) Ответить на тестовые задания связанные с нервной системой креветки.

2) Биосистематика (40 балл):

2.1) (2.5 балл) Определение неинформативных нуклеотидов.

2.2) (10 балл) Определение правильного филогенетического дерева методом максимальной парсимонии (максимальной экономии).

2.3) (21.5 балл) Определение филогенетического родства методом UPGMA.

2.4) (6 балл) Составление филогенетического дерева (дендрограммы) на основе результата UPGMA.

1) ЗООЛОГИЯ (30 БАЛЛ)

Введение:

Тигровая креветка (*Penaeus monodon*), черная тигровая креветка — вид десятиногих раков из подотряда Dendrobranchiata (класс Crustacea, тип Arthropoda.). Распространён в тёплых водах Индийского и Тихого океанов. Своё название креветка получила благодаря черным полоскам по всему телу. В длину тела они могут достигать 36 см, а по весу — 650 грамм, что делает эту креветку самым крупным представителем подотряда Dendrobranchiata.

Материалы и оборудование:

- 1) Креветка. **Примечание:** вам предоставляется только одна креветка.
- 2) Лупа.
- 3) Ножницы, игла, пинцет, иглы для препарирования.
- 4) Пластиковый контейнер с пенопластом.

Ход работы:

1) Зоология (30 балл):

1.1) (14 балл) Наружное строение креветки:

1.1.1) (10 балл) Отпрепарировать конечности креветки, расположить их на листе бумаги в соответствии их названиям.

1.1.2) (4 балл) Ответить на тестовые задания связанные с конечностями креветки.

1.2) (16 балл) Внутреннее строение креветки:

1.2.1) (13 балл) Вскрыть креветку со стороны карапакса и отпрепарировать нервный тяж целиком (с головы до кончика брюшки).

1.2.2) (3 балл) Ответить на тестовые задания связанные с нервной системой креветки.

1.1) (14 балл) Наружное строение креветки:

1.1.1) (10 балл) Отпрепарировать конечности креветки, расположить их на листе бумаги в соответствии их названиям:

1.1.2) (4 балл) Ответить на тестовые задания связанные с конечностями креветки:

1.1.2.1) (1 балл) Сколько пар конечностей имеется на голове, груди и брюшке, соответственно?

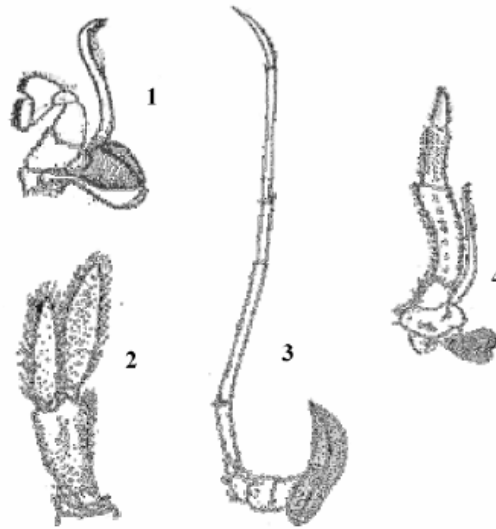
- A) 2, 4, 10
- B) 5, 8, 6
- C) 4, 5, 8
- D) 3, 6, 7

1.1.2.2) (1 балл) Найдите ротовые части креветки и отделите конечности, которые образуют ротовой аппарат.

Из скольких пар конечностей состоит ротовой аппарат?

- A) 1
- B) 2
- C) 3
- D) 5

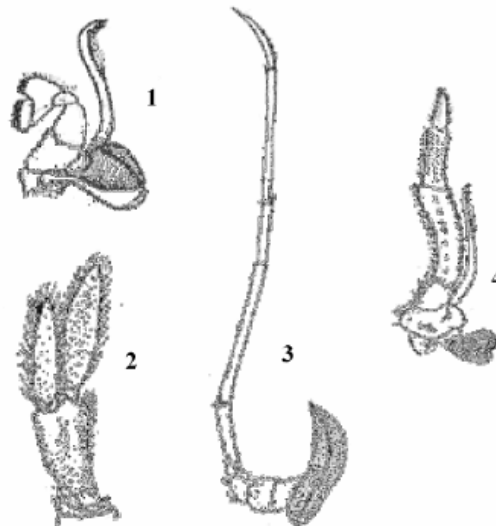
1.1.2.3) (1 балл) Рассмотрите схематическое изображение конечностей на рисунке внизу. Можете ли вы найти все эти конечности у креветки, предоставленной вам?



Можете ли вы найти все эти конечности у креветки, предоставленной вам?

- A) Да
- B) Нет

1.1.2.4) (1 балл) Рассмотрите схематическое изображение конечностей на рисунке внизу. Определите, что является главной функцией конечностей 1-4, показанных на рисунке:



- A) 1: хождение, 2: плавание, 3: сенсорная и захват пищи, 4: сенсорная и захват пищи
- B) 1: плавание, 2: сенсорная и захват пищи, 3: плавание, 4: сенсорная и захват пищи
- C) 1: сенсорная и захват пищи, 2: плавание, 3: хождение, 4: сенсорная и захват пищи
- D) 1: сенсорная и захват пищи, 2: сенсорная и захват пищи, 3: плавание, 4: хождение

1.2) (16 балл) Внутреннее строение креветки:

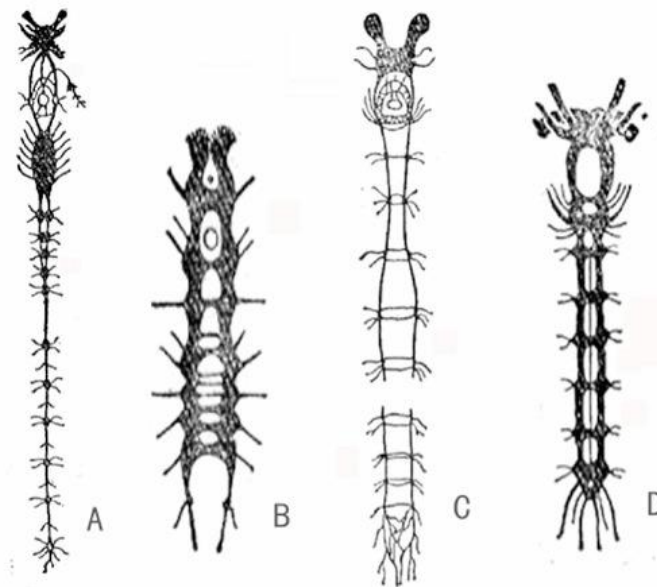
1.2.1) (13 балл) Вскройте креветку со стороны карапакса. Найдите и отпрепарируйте на пенопласте нервный тяж креветки целиком (с головы до кончика брюшки). Используйте иглы для фиксации органов и мышц.

1.2.2) (3 балл) Ответьте на следующие вопросы связанные с нервной системой креветки.

1.2.2.1) (1 балл) Нервный тяж креветки находится на:

- A) Спинной стороне передней части тела.
- B) Брюшной стороне задней части тела.
- C) Брюшной стороне вдоль всего тела креветки.
- D) Спинной стороне вдоль всего тела креветки.

1.2.2.2) (2 балл) На рисунке внизу схематически показаны 4 типа нервных систем. Какая из нервных систем является идентичной нервной системе наблюдаемой вами креветки?



- A) Нервная система А.
- B) Нервная система В.
- C) Нервная система С.
- D) Нервная система D.

2) БИОСИСТЕМАТИКА (40 БАЛЛОВ)

Введение:

Биосистематика — научная дисциплина, в задачи которой входит разработка принципов классификации живых организмов и практическое приложение этих принципов к построению системы органического мира. Широко используются методы максимальной парсимонии (максимальной экономии) и UPGMA.

В этом разделе мы классифицируем 5 видов тигровых креветок на основе нуклеотидных последовательностей их общего гена, отвечающего за развитие роострума.

Буквенные кодировки креветок:

A - *Penaeus monodon* (черная тигровая креветка)

B - *Penaeus duorarum* (розовая тигровая креветка)

C - *Penaeus esculentus* (коричневая тигровая креветка)

D - *Penaeus semisulcatus* (зеленая тигровая креветка)

E - *Penaeus japonicus* (японская тигровая креветка)

Ход работы:

2) Биосистематика (40 балл):

2.1) (2.5 балл) Определение неинформативных нуклеотидов.

2.2) (10 балл) Определение правильного филогенетического дерева методом максимальной парсимонии (максимальной экономии).

2.3) (21.5 балл) Определение филогенетического родства методом UPGMA.

2.4) (6 балл) Составление филогенетического дерева (дендрограммы) на основе результата UPGMA.

ИНФОРМАЦИЯ О НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯХ КРЕВЕТОК:

В Таблице 1 ниже показаны нуклеотидные последовательности одного гена (длиной 15 нуклеотидов) пяти креветок (A, B, C, D и E). Используя сходство и различия в этих последовательностях, вы должны найти филогенетические отношения (родство) всех образцов (A - E).

ТАБЛИЦА 1:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
A	T	C	T	A	A	A	C	A	A	G	C	G	T	C	T
B	T	C	A	T	A	T	A	T	G	G	A	G	A	C	T
C	A	C	T	A	A	A	T	A	A	G	C	C	A	C	T
D	T	C	C	T	A	T	T	A	T	G	G	G	A	C	T
E	C	C	A	G	A	G	C	T	A	G	A	T	T	C	T

2.1) (2.5 балл) Определение неинформативных нуклеотидов.

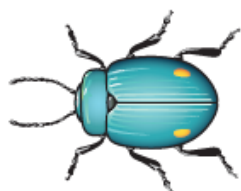
Взгляните на Таблицу 1 и найдите 5 столбцов, содержащих самые неинформативные нуклеотиды для установления родственных связей. Запишите номера этих столбцов в таблицу ниже.

2.2) Определение правильного филогенетического дерева методом максимальной парсимонии (максимальной экономии).

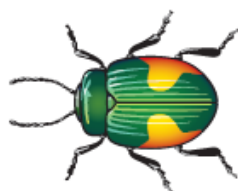
ПРИМЕР:

Метод исследования с применением **максимальной парсимонии (максимальной экономии)** к проблеме молекулярной систематики

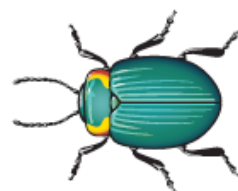
Применение: При рассмотрении возможных филогений группы видов систематики сравнивают молекулярные данные по видам. Эффективный способ начать — определить самую экономную гипотезу — ту, которая требует, чтобы произошло наименьшее количество эволюционных событий (молекулярных изменений).



Вид I



Вид II

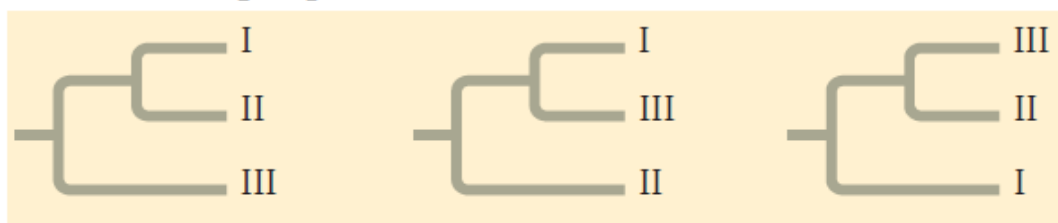


Вид III

Техника: Следуйте пронумерованным шагам, пока мы применяем принцип парсимонии к гипотетической филогенетической проблеме, связанной с тремя близкородственными видами жуков.

1) Сначала нарисуйте три возможных дерева для вида. (Хотя при заказе 3 видов возможны только 3 дерева, количество возможных деревьев быстро увеличивается с количеством видов: есть 15 деревьев для 4 видов и 34 459 425 деревьев для 10 видов.)

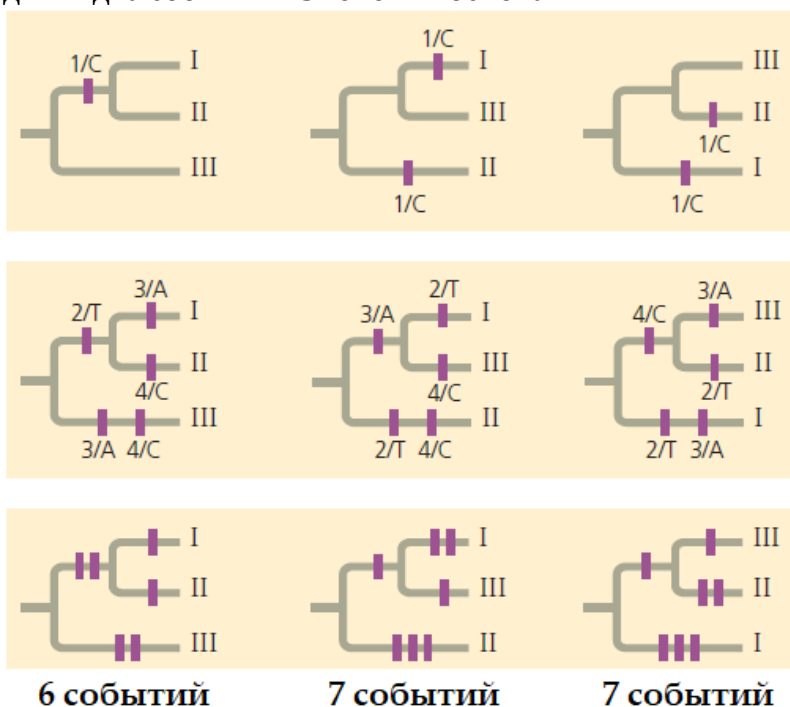
Три филогенетические гипотезы:



2) Сведите в таблицу молекулярные данные для видов. В этом упрощенном примере данные представляют собой последовательность ДНК, состоящую всего из четырех нуклеотидных оснований. Данные по нескольким видам внешней группы (не показаны) использовались для вывода последовательности ДНК предков.

	Сайт			
	1	2	3	4
Вид I	С	Т	А	Т
Вид II	С	Т	Т	С
Вид III	А	Г	А	С
Последовательность общего предка	А	Г	Т	Т

3) Теперь сосредоточьтесь на сайте 1 в последовательности ДНК. В дереве слева достаточно одного события смены основания, представленного фиолетовой штриховкой на ветви, ведущей к видам I и II (и помеченной 1/С, что указывает на изменение в сайте 1 на нуклеотид С), чтобы аккаунт для данных сайта 1. В двух других деревьях необходимы два события изменения оснований.



4) Продолжение сравнения оснований на сайтах 2, 3 и 4 показывает, что для каждого из трех деревьев требуется в общей сложности пять дополнительных событий смены оснований (фиолетовые штриховки).

Результаты: Чтобы определить наиболее экономное дерево, мы суммируем все события изменения основания, отмеченные на шагах 3 и 4. Мы заключаем, что первое дерево является наиболее экономным из трех возможных филогений. (В реальном примере будет проанализировано намного больше сайтов. Следовательно, деревья часто будут отличаться более чем одним событием изменения базы.)

ЗАДАНИЕ:

I

A B C D E

II

A B C D E

III

A B C D E

ПРИМЕР:

ПРИМЕР: Чтобы проиллюстрировать эту концепцию, рассмотрим применение метода UPGMA, используя следующие четыре таксона (A, B, C и D) в качестве примеров.

Шаг 1: В таблице ниже показана матрица признаков для четырех таксонов А, В, С и D. (1-10—признаки, 0 - отсутствующие признаки, 1 - присутствующие признаки).

[illegible]

Шаг 2: Матрица расстояний была рассчитана (и введена в таблицу ниже) на основе матрицы признаков, представленной в таблице выше. Эволюционное расстояние между двумя образцами определяется как количество различий в признаках, на котором два образца показывают разные состояния признаков (один присутствует - 1, а другой отсутствует - 0).

	A	B	C	D
A	0			
B	2	0		
C	5	3	0	
D	8	6	3	0

Шаг 3: Пара кластеров с наименьшим расстоянием - это пара A и B, которая, таким образом, объединяется в кластер более высокого порядка (A,B). Относительный возраст вновь сформированного кластера рассчитывается как половина расстояния между двумя исходными кластерами. В этом случае относительный возраст нового кластера равен 1.

Затем создается новая матрица всех расстояний путем вычисления расстояния между кластерами как среднего расстояния между всеми таксонами из одного кластера до всех таксонов другого кластера. Расстояние (d) между кластером A и кластером (C,D), например, вычисляется как среднее значение между d (A, C) и d (A, D).

	(A,B)	C	D
(A,B)	0		
C	4	0	
D	7	3	0

Шаг 4: Пара кластеров с наименьшим расстоянием теперь является парой C и D, которая, таким образом, объединяется в кластер более высокого уровня (C,D) с относительным возрастом 1,5.

Опять же, новая матрица строится путем вычисления всех расстояний, как указано выше:

Расстояние d ((A, B), (C, D)) определяется как среднее между d (A, C), d (A, D), d (B, C) и d (B, D).

	(A, B)	(C,D)
(A, B)	0	
(C,D)	5.5	0

Шаг 5. На последнем шаге два оставшихся таксона (A,B) и (C,D) объединяются в новый кластер ((A,B), (C,D)), и относительный возраст этого кластера равен 2,25.

	((A, B), (C,D))
((A, B), (C,D))	0

2.3) (21.5 балл) Определение филогенетического родства методом UPGMA.

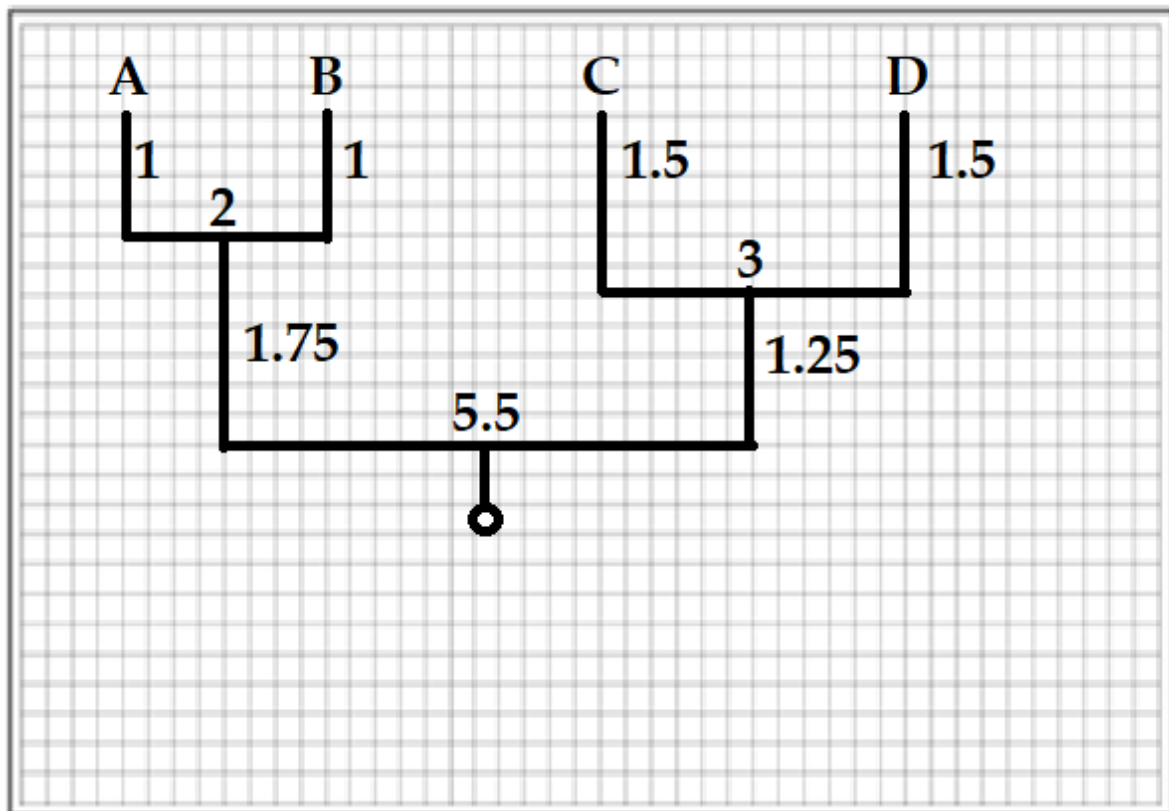
ЗАДАНИЕ:

Определите филогенетическое родство всех образцов (А – Е), показанные в Таблице 1 выше, итеративно с использованием метода UPGMA и на основе МАТРИЦЫ РАССТОЯНИЙ, которую вы составите ниже. Обязательно укажите названия кластеров, используя коды образцов от А до Е. Запишите числовые результаты в итерациях (21 балла) и относительный возраст новообразованных кластеров (I-IV, 4 балла).

2.4) Составление филогенетического дерева (дендрограммы) на основе результата UPGMA.

ПРИМЕР:

Построение филогенетического дерева (дендрограммы) по результатам UPGMA. Указываем относительную длину каждой ветви, написав рядом с ней правильные цифры и пишем названия кластеров. (Периметр каждого квадрата равен 1 эволюционному расстоянию).



2.4) (6 балл) Составление филогенетического дерева (дендрограммы) на основе результата UPGMA.

ЗАДАНИЕ:

Нарисуйте филогенетическое дерево (дендрограмму) на основе результата UPGMA. Укажите относительную длину каждой ветви, написав рядом с ней правильные числа. (Периметр каждого квадрата равен 1 эволюционному расстоянию, 10 баллов)