

Документ подписан простой электронной подписью  
 Информация о владельце:  
 ФИО: Соловьев Дмитрий Александрович  
 Должность: ректор ФГБОУ ВО «Вавиловский университет»  
 Дата подписания: 21.01.2025 20:01:46  
 Уникальный программный ключ:  
 528681d78e673e566ab07f01fe1ba2172f735a12

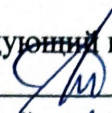
## МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ



Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
 высшего образования  
 «Саратовский государственный университет генетики, биотехноло-  
 гии и инженерии имени Н. И. Вавилова»

УТВЕРЖДАЮ

Заведующий кафедрой

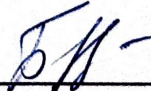
 / Ткаченко О.В./

« 28 » марта 2024 г.

# ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Дисциплина	<b>ИНФОРМАЦИОННЫЕ БАЗЫ И ПРОГРАММЫ В СЕЛЕКЦИИ И ГЕНЕТИКЕ</b>
Направление подготовки	<b>35.04.04 Агронимия</b>
Направленность (профиль)	<b>Генетика и селекция</b>
Квалификация выпускника	<b>Магистр</b>
Нормативный срок обучения	<b>2 года</b>
Форма обучения	<b>очная</b>
Форма реализации	<b>сетевая</b>
Кафедра-разработчик	<b>Растениеводство, селекция и генетика</b>
Ведущий преподаватель	<b>Бурыгин Г.Л., доцент</b>

**Разработчик(и): доцент, Бурыгин Г.Л.**

  
 (подпись)

Саратов 2024

## Содержание

1	Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения ОПОП .....	3
2	Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания .....	3
3	Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующие этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы.....	5
4	Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы и формирования .....	11

## 1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения ОПОП

В результате изучения дисциплины «Информационные базы и программы в селекции и генетике» обучающиеся, в соответствии с ФГОС ВО по направлению подготовки 35.04.04 Агронимия, утвержденного приказом Министерства образования и науки РФ от 26.07.2017 г. № 708, формируют следующие компетенции, указанные в таблице 1.

Таблица 1

### Формирование компетенций в процессе изучения дисциплины «Сельскохозяйственная биотехнология»

Компетенция		Индикаторы достижения компетенций	Этапы формирования компетенции в процессе освоения ОПОП (семестр)*	Виды занятий для формирования компетенции	Оценочные средства для оценки уровня сформированности компетенции
Код	Наименование				
1	2	3	4	5	6
ПК4	«способен использовать информационные базы и ресурсы в генетике и селекции»	ПК-4.1– осуществляет поиск информации, используя генетические базы и ресурсы	2	лекции, практические занятия	письменный опрос, собеседование

Примечание:

Компетенция ПК-4 – также формируется в ходе освоения дисциплин: Биотехнология, а также в ходе прохождения производственной практики: технологическая практика, научно-исследовательская работа и выполнение квалификационной работы.

## 2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания

### Перечень оценочных средств

№ п/п	Наименование оценочного средства	Краткая характеристика оценочного средства	Представление оценочного средства в ФОС
1	собеседование	средство контроля, организованное как специальная беседа педагогического работника с обучающимся на темы, связанные с изучаемой дисциплиной и рассчитанной на выяснение объема знаний	вопросы по темам дисциплины: – перечень вопросов для устного опроса – задания для самостоятельной работы

		обучающегося по определенному разделу, теме, проблеме и т.п.	
2	письменный опрос	средство контроля, организованное как проверка педагогическим работником письменных ответов обучающегося на вопросы, связанные с изучаемой дисциплиной и рассчитанные на выяснение объема знаний обучающегося по определенному разделу, теме, проблеме и т.п.	вопросы по темам дисциплины: - перечень вопросов для письменного опроса

### Программа оценивания контролируемой дисциплины

№ п/п	Контролируемые разделы (темы дисциплины)	Код контролируемой компетенции (или ее части)	Наименование оценочного средства
1	2	3	4
1	Биология <i>in silico</i>	ПК4	Письменный опрос (Входной контроль)
2	Поиск геномов растений в базе данных NCBI	ПК4	Письменный опрос
3	Анализ аннотаций геномных данных	ПК4	Письменный опрос
4	GenBank: база данных геномов, генов и белков	ПК4	устный опрос
5	Структура и расположение генов в геномах растений	ПК4	Письменный опрос
6	Протеомика: разнообразие белков растений	ПК4	устный опрос
7	Сравнение последовательностей	ПК4	устный опрос
8	Попарное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей	ПК4	Письменный опрос
9	Clustal и T-Coffee: ресурсы для множественного выравнивания	ПК4	устный опрос
10	Множественное выравнивание последовательностей	ПК4	устный опрос
11	Филогенетический анализ и его интерпретация	ПК4	Рубежный контроль письменный опрос
12	Разнообразие структуры и функции белков	ПК4	устный опрос
13	UniProt: универсальная база данных белков	ПК4	устный опрос
14	Биоинформатическое предсказание пространственной структуры белков	ПК4	устный опрос
15	AlfaFold3: ресурс для быстрого моделирования 3D-структуры белков	ПК4	устный опрос
16	Анализ некодирующих участков геномов	ПК4	устный опрос
17	Алгоритмы предсказания функции белков	ПК4	устный опрос
18	Выявление регуляторных участков в растительных геномах	ПК4	Рубежный контроль письменный опрос

**Описание показателей и критериев оценивания компетенций по дисциплине  
«Сельскохозяйственная биотехнология» на различных этапах их формиро-  
вания, описание шкал оценивания**

Код компетенции, этапы освоения компетенции	Индикаторы достижения компетенций	Показатели и критерии оценивания результатов обучения			
		ниже порогового уровня (неудовлетворительно)	пороговый уровень (удовлетворительно)	продвинутый уровень (хорошо)	высокий уровень (отлично)
1	2	3	4	5	6
ПК-4, 2 семестр	ПК-4.1 – осуществляет поиск информации, используя генетические базы и ресурсы	обучающийся не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале по созданию и использованию баз данных в генетике и селекции растений, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки	обучающийся демонстрирует знания только основного материала по созданию и использованию баз данных в генетике и селекции растений, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала	обучающийся демонстрирует знание материала по созданию и использованию баз данных в генетике и селекции растений, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала по созданию и использованию баз данных в генетике и селекции растений, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий

**3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для  
оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности,  
характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения  
образовательной программы**

**3.1. Входной контроль**

**Примерный перечень вопросов**

1. Взаимосвязь понятий «ген», «генотип» и «геном».
2. Молекулярные основы фенотипа.
3. Особенности организации генома бактерий и эукариот.

### **3.5. Рубежный контроль**

#### **Вопросы рубежного контроля № 1**

*Вопросы, рассматриваемые на аудиторных занятиях*

- 1) Биология *in silico*: от истоков до наших дней. Основные объекты, цели и средства биоинформатики. Предпосылки к возникновению и развитию биоинформатики.
- 2) Геномы резуховидки Таля и риса, их общие и сравнительные характеристики. Современные «постгеномные» проекты с точки зрения биоинформатики.
- 3) О биоразнообразии и проблеме «больших данных». Общие представления о филогенетике.
- 4) Основное предназначение биоинформатического анализа. Главные ресурсы в биоинформатике нуклеиновых кислот и белков. Компьютерный анализ генетической информации.
- 5) Геномная последовательность организма и связанная с ней биологическая информация. Сравнения последовательностей – главный инструмент биоинформатики.
- 6) Моделирование пространственных структур белков (белковый фолдинг).
- 7) Биологические последовательности и молекулярная филогения. Вертикальный и горизонтальный перенос генов. Структура биомакромолекул и биологические последовательности.
- 8) Последовательности ДНК. Последовательности РНК. Последовательности белков. От последовательности ДНК к белковой последовательности.
- 9) Полные геномы организмов. Повторы в последовательностях ДНК. Геномная дактилоскопия.
- 10) Варианты представления выравниваний для анализа их деталей. Общие рекомендации по работе с МВП. Форматы МВП и их преобразования.
- 11) Молекулярная филогенетика, ее цели и задачи. Подготовка данных для молекулярно-филогенетического анализа.
- 12) Основные методы построения и интерпретации филогенетических деревьев.
- 13) Интерактивные средства построения филогенетических деревьев. Интерпретация результатов филогенетического анализа и оценка его качества с применением бутстреппинга. Средства построения филогенетических деревьев, устанавливаемые локально.

### *Вопросы для самостоятельного изучения*

- 1) PubMed – отправная точка и важнейший биоинформатический ресурс.
- 2) UniProt – отправная точка для получения представлений о белках и их генах. Основное содержание записи UniProt.
- 3) GenBank – отправная точка в исследованиях последовательностей ДНК и «запоминающее устройство» молекулярной биологии. Основное содержание записи GenBank.
- 4) Поиск похожих последовательностей с использованием технологии BLAST. Множественные выравнивания последовательностей.
- 5) О структуре генов и геномов. Принципиальные отличия геномной организации про- и эукариотов. Отыскание и использование записей в GenBank.

### **Вопросы рубежного контроля № 2**

#### *Вопросы, рассматриваемые на аудиторных занятиях*

- 1) О структуре, функции и биоинформатических характеристиках белков. О содержимом записей в базе данных UniProt.
- 2) Метаболические пути и их биоинформатические ресурсы. О белковых семействах.
- 3) Технология рекомбинантной ДНК и клонирование генов. ПЦР-амплификация ДНК. Конструирование праймеров для ПЦР.
- 4) Полногеномное секвенирование и сборка геномов. Аннотирование секвенированной ДНК и отыскание генов в генетических последовательностях.
- 5) Особенности поиска генов в последовательностях ДНК про- и эукариотов.
- 6) Определение физико-химических характеристик белков по их последовательностям. Определение трансмембранных сегментов белков. Предсказание структурно-функциональных свойств белков поиском мотивов на примере программы MOTIF Search.
- 7) Обнаружение доменов в белковых последовательностях. Использование доменов для предсказания функций белков.
- 8) Анализ сходства между биологическими последовательностями. Сходство, идентичность и гомология последовательностей.
- 9) Технология BLAST в поиске гомологий. Бластинг белковых последовательностей. ДНК как носитель небиологической информации.
- 10) Белковый бластинг SmartBlast. Бластинг последовательностей ДНК. Биология *in silico* на основе технологии BLAST. Интерактивный поиск отдаленно-родственных гомологов с использованием программы PSI-BLAST.

- 11) Комплектование набора последовательностей белков на сайте UniProt. Программа Clustal как базовое средство получения МВП. Пример работы программы Clustal. Семейство программ Tcoffee и решаемые в нем задачи получения и анализа МВП.
- 12) Оценки надежности получаемых биологических сигналов в МВП с использованием отдаленно родственных последовательностей. Определение широко-масштабного таксономического положения парвальбумина программой SmartBLAST.
- 13) Белковый банк данных PDB и его ресурсы. Файл формата PDB и его визуализация. Предсказание взаимодействий белка с пептидами и другими белками (молекулярный докинг).
- 14) Теоретический фолдинг белка. Предсказание 3D структуры белка методом гомологичного моделирования. Автоматизированное гомологичное моделирование белков. Средство поиска с векторными выравниваниями VAST.
- 15) Новый прорыв в области предсказаний пространственной структуры белков и их взаимодействий с разнообразными лигандами, программа AlphaFold 3.

#### *Вопросы для самостоятельного изучения*

- 1) Парные сравнения биологических последовательностей. Метод точечных матриц. Программа Dotlet. Об аналогах биоинформатики в других отраслях знаний.
- 2) Множественные выравнивания последовательностей (МВП) и задачи, решаемые с их использованием. Выбор объектов, подходящих для реализации МВП.
- 3) МВП белков, содержащих домен EF-hand, и его использование в филогенетическом анализе.
- 4) Российский интегрированный пакет программ биоинформатического анализа UniproUGENE. Разнообразие методов получения парных и множественных выравниваний.

### **3.6 Промежуточная аттестация**

В соответствии с учебным планом по направлению подготовки 35.03.04 Агрономия по дисциплине «Информационные базы и программы в селекции и генетике» в качестве промежуточной аттестации предусмотрен зачёт.

#### **Вопросы, выносимые на зачёт**

- 14) Биология *in silico*: от истоков до наших дней. Основные объекты, цели и



средства биоинформатики. Предпосылки к возникновению и развитию биоинформатики.

- 15) Геномы резуховидки Таля и риса, их общие и сравнительные характеристики. Современные «постгеномные» проекты с точки зрения биоинформатики.
- 16) О биоразнообразии и проблеме «больших данных». Общие представления о филогенетике.
- 17) Основное предназначение биоинформатического анализа. Главные ресурсы в биоинформатике нуклеиновых кислот и белков. Компьютерный анализ генетической информации.
- 18) Геномная последовательность организма и связанная с ней биологическая информация. Сравнения последовательностей – главный инструмент биоинформатики.
- 19) Моделирование пространственных структур белков (белковый фолдинг).
- 20) Биологические последовательности и молекулярная филогения. Вертикальный и горизонтальный перенос генов. Структура биомакромолекул и биологические последовательности.
- 21) Последовательности ДНК. Последовательности РНК. Последовательности белков. От последовательности ДНК к белковой последовательности.
- 22) Полные геномы организмов. Повторы в последовательностях ДНК. Геномная дактилоскопия.
- 23) PubMed – отправная точка и важнейший биоинформатический ресурс.
- 24) UniProt – отправная точка для получения представлений о белках и их генах. Основное содержание записи UniProt.
- 25) GenBank – отправная точка в исследованиях последовательностей ДНК и «запоминающее устройство» молекулярной биологии. Основное содержание записи GenBank.
- 26) Поиск похожих последовательностей с использованием технологии BLAST. Множественные выравнивания последовательностей.
- 27) О структуре генов и геномов. Принципиальные отличия геномной организации про- и эукариотов. Отыскание и использование записей в GenBank.
- 28) От генетической последовательности к зрелому белку. От гена к функциональному белку: Посттрансляционные модификации – общие положения. О химической модификации аминокислотных остатков.
- 29) О структуре, функции и биоинформатических характеристиках белков. О содержимом записей в базе данных UniProt.
- 30) Метаболические пути и их биоинформатические ресурсы. О белковых семействах.

- 31) Технология рекомбинантной ДНК и клонирование генов. ПЦР-амплификация ДНК. Конструирование праймеров для ПЦР.
- 32) Полногеномное секвенирование и сборка геномов. Аннотирование секвенированной ДНК и отыскание генов в генетических последовательностях.
- 33) Особенности поиска генов в последовательностях ДНК про- и эукариотов.
- 34) Определение физико-химических характеристик белков по их последовательностям. Определение трансмембранных сегментов белков. Предсказание структурно-функциональных свойств белков поиском мотивов на примере программы MOTIF Search.
- 35) Обнаружение доменов в белковых последовательностях. Использование доменов для предсказания функций белков.
- 36) Анализ сходства между биологическими последовательностями. Сходство, идентичность и гомология последовательностей.
- 37) Технология BLAST в поиске гомологий. Бластинг белковых последовательностей. ДНК как носитель небиологической информации.
- 38) Белковый бластинг SmartBlast. Бластинг последовательностей ДНК. Биология *in silico* на основе технологии BLAST. Интерактивный поиск отдаленно-родственных гомологов с использованием программы PSI-BLAST.
- 39) Парные сравнения биологических последовательностей. Метод точечных матриц. Программа Dotlet. Об аналогах биоинформатики в других отраслях знаний.
- 40) Множественные выравнивания последовательностей (МВП) и задачи, решаемые с их использованием. Выбор объектов, подходящих для реализации МВП.
- 41) МВП белков, содержащих домен EF-hand, и его использование в филогенетическом анализе.
- 42) Российский интегрированный пакет программ биоинформатического анализа UniProUGENE. Разнообразие методов получения парных и множественных выравниваний.
- 43) Комплектование набора последовательностей белков на сайте UniProt. Программа Clustal как базовое средство получения МВП. Пример работы программы Clustal. Семейство программ Tcoffee и решаемые в нем задачи получения и анализа МВП.
- 44) Оценки надежности получаемых биологических сигналов в МВП с использованием отдаленно-родственных последовательностей. Определение широкомасштабного таксономического положения парвальбумина программой SmartBLAST.

- 45) Варианты представления выравниваний для анализа их деталей. Общие рекомендации по работе с МВП. Форматы МВП и их преобразования.
- 46) Белковый банк данных PDB и его ресурсы. Файл формата PDB и его визуализация. Предсказание взаимодействий белка с пептидами и другими белками (молекулярный докинг).
- 47) Теоретический фолдинг белка. Предсказание 3D структуры белка методом гомологичного моделирования. Автоматизированное гомологичное моделирование белков. Средство поиска с векторными выравниваниями VAST.
- 48) Новый прорыв в области предсказаний пространственной структуры белков и их взаимодействий с разнообразными лигандами, программа AlphaFold 3.
- 49) Молекулярная филогенетика, ее цели и задачи. Подготовка данных для молекулярно-филогенетического анализа.
- 50) Основные методы построения и интерпретации филогенетических деревьев.
- 51) Интерактивные средства построения филогенетических деревьев. Интерпретация результатов филогенетического анализа и оценка его качества с применением бутстрепинга. Средства построения филогенетических деревьев, устанавливаемые локально.

#### **4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций**

##### **4.1 Процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности**

Контроль результатов обучения студентов, этапов и уровня формирования компетенций по дисциплине «Информационные базы и программы в селекции и генетике» осуществляется через проведение входного, текущего, рубежных, выходного контролей и контроля самостоятельной работы.

Формы текущего, промежуточного и итогового контроля, порядок начисления баллов и фонды контрольных заданий для текущего контроля разрабатываются кафедрой исходя из специфики дисциплины, и утверждаются на заседании кафедры.

##### **4.2 Критерии оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы**

Описание шкалы оценивания достижения компетенций по дисциплине приведено в таблице 6.

Таблица 6

Уровень освоения компетенции	Отметка по пятибалльной системе (промежуточная аттестация)*	Описание
<i><b>высокий</b></i>	«отлично»	Обучающийся обнаружил всестороннее, систематическое и глубокое знание учебного материала, умеет свободно выполнять задания, предусмотренные программой, усвоил основную литературу и знаком с дополнительной литературой, рекомендованной программой. Как правило, обучающийся проявляет творческие способности в понимании, изложении и использовании материала
<i><b>базовый</b></i>	«хорошо»	Обучающийся обнаружил полное знание учебного материала, успешно выполняет предусмотренные в программе задания, усвоил основную литературу, рекомендованную в программе
<i><b>пороговый</b></i>	«удовлетворительно»	Обучающийся обнаружил знания основного учебного материала в объеме, необходимом для дальнейшей учебы и предстоящей работы по профессии, справляется с выполнением практических заданий, предусмотренных программой, знаком с основной литературой, рекомендованной программой, допустил погрешности в ответе на экзамене и при выполнении экзаменационных заданий, но обладает необходимыми знаниями для их устранения под руководством преподавателя
–	«неудовлетворительно»	Обучающийся обнаружил пробелы в знаниях основного учебного материала, допустил принципиальные ошибки в выполнении предусмотренных программой практических заданий, не может продолжить обучение или приступить к профессиональной деятельности по окончании образовательной организации без дополнительных занятий

#### 4.2.1. Критерии оценки устного ответа при текущем контроле и промежуточной аттестации

При ответе на вопрос обучающийся демонстрирует:

**знания:** алгоритмов поиска геномов растений, принципов оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностей работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значения пространственной структуры белков в их функциональности, основные способы регуляции активности генов.

**умения:** находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных

данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки.

**владение навыками:** поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов.

### Критерии оценки

<b>отлично</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- умение находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- успешное и системное владение навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>
<b>хорошо</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы, умение находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы или сопровождающееся отдельными ошибками владение навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>
<b>удовлетворительно</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знания только основного материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенно-</li> </ul>

	<p>ствам работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- в целом успешное, но не системное умение находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- в целом успешное, но не системное владение навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>
<b>неудовлетворительно</b>	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- не умеет находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- обучающийся не владеет навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>

#### 4.2.2. Критерии оценки письменного опроса

При выполнении лабораторных работ обучающийся демонстрирует:

**знания:** алгоритмов поиска геномов растений, принципов оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностей работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значения пространственной структуры белков в их функциональности, основные способы регуляции активности генов.

**умения:** находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки.

**владение навыками:** поиска информации о геномах определённого расте-

ния или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов.

### Критерии оценки выполнения лабораторных занятий

<b>отлично</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- умение находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- успешное и системное владение навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>
<b>хорошо</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы, умение находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы или сопровождающееся отдельными ошибками владение навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>
<b>удовлетворительно</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знания только основного материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- в целом успешное, но не системное умение находить в открытых базах дан-</li> </ul>

	<p>ных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- в целом успешное, но не системное владение навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>
<p><b>неудовлетворительно</b></p>	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенностям работы в базах данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей культурных растений, значению пространственной структуры белков в их функциональности, основным способам регуляции активности генов;</li> <li>- не умеет находить в открытых базах данных нуклеотидные и аминокислотные последовательности растений, сравнивать между собой разные сборки геномом одного растения; пользоваться доступными функциями анализа геномных данных; проводить филогенетический анализ, моделировать пространственную структуру белка, находить в нуклеотидных последовательностях регуляторные участки;</li> <li>- обучающийся не владеет навыками поиска информации о геномах определённого растения или генах, ответственных за проявление определённого фенотипа, интерпретации результатов филогенетического анализа, оценки достоверности биоинформатического моделирования, выявления факторов, влияющих на активность генов</li> </ul>

**Разработчик(и): доцент, Бурыгин Г.Л.**

  
 \_\_\_\_\_  
 (подпись)

)