

Документ подписан простой электронной подписью
 Информация о владельце:
 ФИО: Соловьев Дмитрий Александрович
 Должность: ректор ФГБОУ ВО Вавиловский университет
 Дата подписания: 28.11.2024 09:00:04
 Уникальный программный ключ:
 528681d78e673e566ab07f01fe1ba2172f735a12

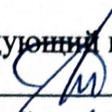
МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ



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 » ноября 2024 г.

ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

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

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>высокий</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>базовый</i>	«хорошо»	Обучающийся обнаружил полное знание учебного материала, успешно выполняет предусмотренные в программе задания, усвоил основную литературу, рекомендованную в программе
<i>пороговый</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

отлично	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - 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; - 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
хорошо	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - 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; - 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
удовлетворительно	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> - знания только основного материала по алгоритмам поиска геномов растений, принципам оценки полноты аннотаций секвенированных геномов, особенно-

	<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"> - 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; - 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
неудовлетворительно	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - 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; - 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

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

<p>отлично</p>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - 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; - 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
<p>хорошо</p>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - 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; - 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
<p>удовлетворительно</p>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - в целом успешное, но не системное умение находить в открытых базах дан-

	<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"> - 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
<p>неудовлетворительно</p>	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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; - 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; - 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

Разработчик(и): доцент, Бурыгин Г.Л.



 (подпись)

)