

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Таскаев Сергей Валерьевич
Должность: Ректор
Дата подписания: 17.09.2025 10:55:58
Уникальный программный ключ:
04c19ed8bfb28f3b6cb77a486b9a8788b8322323



МИНОБРАЗОВАНИЯ РОССИИ

Федеральное государственное бюджетное образовательное
учреждение высшего образования
«Челябинский государственный университет» (ФГБОУ ВО «ЧелГУ»)

Фонд оценочных средств по дисциплине «Геномика и протеомика» по направлению подготовки
06.04.01 «Биология» ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

стр. 1

**Фонд оценочных средств
промежуточной аттестации**

по дисциплине

Геномика и протеомика

Направление подготовки (специальность)

06.04.01 Биология

Направленность (профили) Медико-
биологические науки, Биотехнология

Присваиваемая квалификация **Магистр**

Форма обучения

Очная

Челябинск, 2025

1. ПАСПОРТ ФОНДА ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

Направление подготовки: 06.04.01 «Биология» Направленности:

«Медико-биологические науки, Биотехнология»

Дисциплина: «Геномика и протеомика»

Семестр изучения: 3

Форма промежуточной аттестации: зачёт

2. ПЕРЕЧЕНЬ ФОРМИРУЕМЫХ КОМПЕТЕНЦИЙ И ЭТАПЫ ИХ ФОРМИРОВАНИЯ

2.1. Компетенции, закреплённые за дисциплиной

Изучение дисциплины «Геномика и протеомика» направлено на формирование
следующих компетенций:

Коды компетенции (по ФГОС)	Содержание компетенций согласно ФГОС	Коды и содержание индикаторов	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине
1	2		3
ПК-1	Способен использовать знание нормативных документов, регламентирующих организацию проведения научно-исследовательских работ для руководства рабочим коллективом и обеспечения мер производственной безопасности	ПК-1.3 Планирует организацию и проведение научных исследований по актуальным биомедицинским проблемам	Знать: Для достижения ПК-1.3 знать: современные методы обработки, анализа и синтеза информации, применяемые в биоинформатике; Для достижения ПК-1.3 знать: правила представления информации в современных геномных и протеомных базах данных Уметь: Для достижения ПК-1.3 уметь: обрабатывать полученную в ходе биологического исследования информацию; Для достижения ПК-1.3 уметь: использовать информацию из открытых международных баз данных для геномных и протеомных проектов Владеть: Для достижения ПК-1.3 владеть: программными методами обработки и анализа биологической информации

3. СОДЕРЖАНИЕ ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

3.1 Виды оценочных средств

№п/п	Код компетенции/планируемые результаты обучения		Контролируемые разделы	Наименование оценочного средства для текущего контроля	Наименование оценочного средства для промежуточной аттестации /№ задания
1.	ПК-1	Для достижения ПК-1.3 знать: современные методы обработки, анализа и синтеза информации, применяемые в биоинформатике; Для достижения ПК-1.3 знать: правила представления информации в современных геномных и протеомных базах данных	1. Основы геномики 2. Основы протеомики	Устный опрос Доклады	Ситуационные задачи №1-10 для зачёта; Вопросы для зачёта №1-40
		Уметь: Для достижения ПК-1.3 уметь: обрабатывать полученную в ходе биологического исследования информацию; Для достижения ПК-1.3 уметь: использовать информацию из открытых международных баз данных для геномных и протеомных проектов	1. Основы геномики 2. Основы протеомики	Ситуационные задачи	Ситуационные задачи №1-10 для зачёта
		Владеть: Для достижения ПК-1.3 владеть: программными методами обработки и анализа биологической информации	1. Основы геномики 2. Основы протеомики	Ситуационные задачи	Ситуационные задачи №1-10 для зачёта Вопросы для зачёта №1-40

Примечание: типовые задания, критерии и показатели оценивания в рамках текущего контроля представлены в рабочей программе дисциплины. Полные комплекты оценочных средств и контрольно-измерительных материалов хранятся на кафедре.

3.2 Содержание оценочных средств

Оценочные средства текущей аттестации представлены вопросами для контроля успеваемости (устного), ситуационными задачами и темами для докладов; для промежуточной аттестации - вопросами для зачёта, ситуационными задачами.

3.2.1 Темы докладов

1. Метод ПЦР-опосредованного сайт-направленного мутагенеза: применение, преимущества и недостатки метода.
2. Амплификация рефрактерной мутационной системы: применение, преимущества и недостатки метода.
3. Сиквенс-специфическая ПЦР: применение, преимущества и недостатки метода.
4. Анализ полиморфизма длин рестрикционных фрагментов: применение, преимущества и недостатки метода.
5. Лигирование синтетических олигонуклеотидов: применение, преимущества и недостатки метода.
6. Метод аллель-специфических олигонуклеотидов: применение, преимущества и недостатки метода.
7. ПЦР в реальном времени: разновидности, применение, преимущества и недостатки метода.
8. Анализ конформационного полиморфизма однонитевой ДНК: применение, преимущества и недостатки метода.
9. Денатурирующий градиентный гель-электрофорез: применение, преимущества и недостатки метода.

10. Метод гетеродуплексного анализа: применение, преимущества и недостатки метода.
11. Метод химического расщепления некомплементарных сайтов: применение, преимущества и недостатки метода.
12. Метод ядерно-магнитного резонанса (ЯМР-спектроскопия): применение для изучения протеинов, преимущества и недостатки метода.
13. Рентгеноструктурный анализ в протеомике: применение, преимущества и недостатки метода.
14. Инфракрасная спектроскопия для определения структуры белков: области применения, преимущества и недостатки метода.
15. Рамановская спектроскопия в протеомике: применение, преимущества и недостатки метода.

3.2.2 Вопросы для устного контроля

- 1). Определение понятия геномика. Основные цели и задачи геномики.
- 2). Этапы развития геномики и её основные направления.
- 3). Основные достижения геномики в медицине и фундаментальной биологии.
- 4). Какие методы выделения нуклеиновых кислот Вы знаете?
- 5). Особенности выделения нуклеиновых кислот в связи с разновидностью биологического материала.
- 6). Особенности структуры геномов представителей разных доменов органической жизни.
- 7). Что такое генетический полиморфизм? Какие разновидности полиморфизмов существуют?
- 8). Каковы правила номенклатуры генетических полиморфизмов? Что такое база данных dbSNP?
- 9). Принцип метода полимеразной цепной реакции.
- 10). Какие основные варианты ПЦР Вы знаете?
- 11). Какие требования предъявляются к праймерам?
- 12). Как можно корректировать условия проведения ПЦР?
- 13). Сущность секвенирования по Сэнгеру.
- 14). Какие методы секвенирования существуют на настоящий момент?
- 15). В чём отличие методов секвенирования нового поколения?
- 16). Контроль качества на разных этапах геномного исследования.

- 17). Какие генетические базы данных Вы знаете?
- 18). Что такое сборка генома, контиг, скаффолд?
- 19). В чём заключается выравнивание геномов? Что такое референсный геном?
- 20). Что такое метагеном? Каковы трудности, связанные со сборкой метагенома?

3.2.3 Ситуационные задачи

1. Используя базы данных NCBI и онлайн-инструменты Primer3, Molbiol, выберите параметры для амплификации гена топоизомеразы I *Saccharomyces cerevisiae*: оптимальные праймеры, температурный режим, состав смеси для амплификации.

Ответ:

- 1). Оптимальные праймеры: GAAAAGCGCGACATCAAAGC (прямой) TCTACCGATTCTATGGCCCA (обратный). Размер продукта амплификации – 2052 п.н.
- 2). Температурные условия амплификации: температура денатурации – 95°C, температура отжига – 54°C, температура элонгации – 72°C.
- 3). Состав смеси для амплификации на объём 10 мкл: концентрация дНТФ – 0,2 мМ, количество праймеров – 2 пмоль, количество Taq полимеразы – 0,32 е.а..

2. Исходя из предложенного Вам значения оптической плотности ДНК в образце, с помощью онлайн-калькулятора сайта Molbiol определите концентрацию ДНК в образце.

Ответ:

Допустим, что оптическая плотность ДНК в образце составляет 15,7 (OD₂₆₀=15,7), объём ячейки спектрофотометра равен 1 мл, а объём образца – 1 мкл. Тогда концентрация ДНК в образце равняется 785 мкг/мкл.

3. Выберите праймеры для выявления однонуклеотидного полиморфизма rs6500550 гена TRAP1 человека в ходе сиквенс-специфичной полимеразной цепной реакции. Укажите параметры реакции и размер конечного продукта.

Ответ:

- 1). Параметры реакции: прямой праймер 1 – GGAACCAGAGATCCCTGC, прямой праймер 2 – GGAACCAGAGATCCCTGT, обратный праймер – CGGGTCACAGCTTACAATCC. Размер продукта амплификации – 188 п.н.
- 2). Температурные условия амплификации: температура денатурации – 95°C, температура отжига – 54°C, температура элонгации – 72°C.

3). Состав смеси для амплификации на объём 10 мкл: концентрация дНТФ – 0,1 мМ, количество праймеров – 10 пмоль, количество Taq полимеразы – 0,5 е.а..

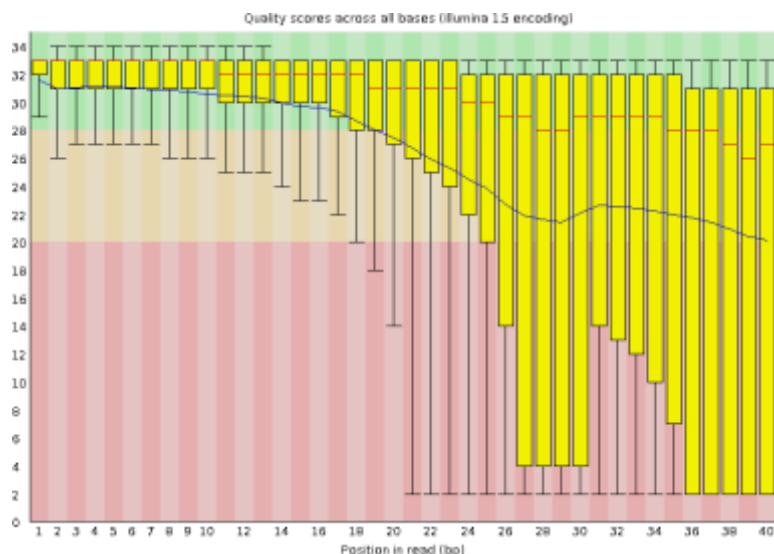
4. Используя базу данных dbSNP портала NCBI, а также ресурс restrictionmapper.org, подберите праймеры для определения точкового полиморфизма rs346432046 гена Hsp81.4 арабидопсиса (*Arabidopsis thaliana*) с помощью полимеразной цепной реакции с полиморфизмом длин рестрикционных фрагментов. Укажите параметры реакции и размеры конечных продуктов.

Ответ:

- 1). Параметры реакции: прямой праймер – TGGATCTTTCACGGTGACCA, обратный праймер – TCGCTCCTCAATGTACTCCA. Размер продукта амплификации – 106 п.н.
- 2). Температурные условия амплификации: температура денатурации – 95°C, температура отжига – 54°C, температура элонгации – 72°C.
- 3). Состав смеси для амплификации на объём 10 мкл: концентрация дНТФ – 0,1 мМ, количество праймеров – 10 пмоль, количество Taq полимеразы – 0,5 е.а..
- 4). При рестрикции использовать фермент CviJI (сайт рестрикции – RGCY), в случае наличия варианта G рестрикция приведёт к появлению двух фрагментов 38 и 68 п.н.

5. Исходя из предложенного отчёта программы FastQC определите качество данных секвенирования и укажите, какие нужно провести операции для улучшения качества этих данных.

Ответ:



На графике отчёта программы FastQC представлено качество прочтений секвенатора, распределённое по нуклеотидным позициям. Видно, что, начиная с 20 позиции качество прочтения начинает резко падать. Поэтому можно рекомендовать обрезать все прочтения с 20 нуклеотида, что приведёт к потере данных, но значительно улучшит их качество.

6. С помощью инструмента NCBI Nucleotide BLAST проведите сравнение предложенной нуклеотидной последовательности с референсной, взятой из базы данных.

Ответ:

Результат сравнения данной последовательности (идентификационный номер GI: 1313739418) с референсной (идентификационный номер GI: 295150):

```
Query                               472                               TAAG-
GTTTACGAAAATGAGAGAACTCATTATCTTTTGATATACCTACTAATAAGAAAA 530
Sbjct 398 ....A.....T.....A.A.....A..A.T.....AG.G.AA...G.....457
```

```
Query                               531                               ACATAACAGCCCAAGAAATAGATTAT-
AAAGTTAGAACTATTTACTTAAGCATAAAGAT 589
Sbjct 458 GTG.....T.....C....-C..A....C...G.GT.T....A....TA.A...A ... 516
```

```
Query                               590
TTATATGAATTTAACAGTTCGCCTTATGAGACTGGATATATAAAGTTTATCGAAGGCA
AT 649
Sbjct 517 ..G.....G.....A..A.....A..A.....A.....T...AAT..C 576
```

```
Query                               650
GGTAATACTTTTTGGTATGATATGATGCCTGAATCTGGTGAAAAATTTTATCCTA-
CTAA 708
```

Sbjct 577 ..C.....C.C.A..A..T..G...G...A.T..... 635

Query 709 ATATTTATTGATATATAACGATAATAAAACAGTTGAT 745

Sbjct 636A....G..C.....C.....G..... 672

Согласно полученному результату, степень сходства двух последовательностей составляет 79%.

7. Проведите аннотацию генов предложенной последовательности с помощью программы RAST. Сколько генов содержит данная последовательность? К каким семействам они относятся?

Ответ:

В предложенной последовательности (идентификационный номер NC_007604.1) обнаружено 2525 белок-кодирующих генов, в том числе 139 генов, кодирующих компоненты системы фотосинтеза, 37 генов белков-переносчики сигнала, 36 генов транскрипционных факторов.

8. С помощью инструмента портала Molbiol определите массы, заряды и изоэлектрические точки предложенных белков. Предложите параметры гель-электрофореза для разделения этих белков в смеси.

Ответ:

Последовательности и искомые характеристики предложенных белков:

1).

HIDGPSPSNISGGWNFGSLLGVCGVAQGATGLFLAMHYTADTSLAFSSIAHICRDVNNG
WLLRNLHANGASFFFCIFYFHIGRGLYYGSYLYKETWNIGVILLFLVMATAFVGYYLPW
GQMSFWGATVITNLLSAAPYIGSDLVQWIWGGFSVDNATLTRFFTFHFILPFIIAAASMI
HLLFLHQTGSSNPTGLNSNFDGVSFHPYFSYKDLFGFTIMLGALAALSTFAPNF

Mr=25419

pI=6,55

Z=-1,19

2).

HINGPSPSNISGGWNFGSLLGVCGVAQGATGLFLAMHYTANTSLAFSSIAHICRNVNNG
WLLRNLHANGASFFFCIFYFHIGRGLYYGSYLYKETWNIGVILLFLVMATAFVGYYLPW
GQMSFWGATVITNLLSAAPYIGSNLVQWIWGGFSVNNATLTRFFTFHFILPFIIAAASMI
HLLFLHQTGSSNPTGLNSNFNGVSFHPYFSYKNLFGFTIMLGALAALSTFAPNF

Mr=25412

pI=9,78

Z=5,80

3).

HIDGPSPDISGGWDFGSLLGVCGVAQGATGLFLAMHYTADTSLAFSSIAHICRDVDDG

WLLRDLHADGASFFFCIYFHIGRGLYYGSYLYKQTDIGVILLFLVMATAFVGYYVLPW
GQMSFWGATVITDLLSAAPYIGSDLVQWIWGGFSVDDATLTRFFTFHFILPFIIAAASMI
HLLFLHQTGSSDPTGLDSDFDGVSFHPYFSYKDLFGFTIMLGALAALSTFAPDF

Mr=25430

pI=4,32

Z=-13,18

Данные белки характеризуются близкими значениями молекулярных масс, но их изоэлектрические точки довольно сильно различаются, поэтому для разделения этих белков следует применять двухмерный гель-электрофорез в полиакриламидном геле.

9. Исходя из предложенного набора пептидов, полученных в результате идентификации белка масс-спектрометром, с помощью инструментов портала UniProt определите этот белок.

Ответ:

Предложенной последовательности пептидов –

EYVEEVWGVEVYNTYGSTEG		EYVEEVWGVEVYNTYGSTEG
ENMDYLTGEYEAFLYGDEDE	GQ	EGLHVPEDLVHLDVYDPAMR
CAPLEDIYTIHETSGTSGRP		VVVCASYGMNVGANTMTLAA
TGTTTTNYDTEDTTVVISR	YTVSYAYENSPFYSK	IIESYRPTGIVASIFK
MGNYNFNPETMER	EAETFWVAGHPFNR	SFFLTWGDWQR
LVAGGESFAPESR		
IVLTLLPVGEK	ELPIITGETVR	EDLDALVEER
VDVEAAVFQR	DFVDDGECGR	
IGMTIPEGK	SFVSQGFER	NGIRPSDIR
ENQPPER	DDFEFR	EQGLDPR
IMNPER		
SHEDLR	CTFPVR	ESSIR
THMR	YAEK	WFR
YAR	LLR	LAR

– соответствует белок коэнзим F390 синтетаза, найденная в клетках *Methanothermobacter thermautotrophicus*.

10. Расшифруйте запись аминокислотной последовательности, сделанную в формате FASTA.

Ответ:

Дана последовательность:

MTPAIDLLKKNKIPFTLHTYDHPNNTHTFGDEAAEKLGLDPHQSFKTLLVAENGDQKK
LACFVLSTANMLSLKKAASIGVKKVEMADKDAAQKSTGYLVGGISPLGQKKRVKTV
INSTALEFDTIFVSGGKRGLSVELSPQDLAKLLNAEFVDIIDE

Расшифровка:

MetThrProAlaIleAspLeuLeuLysLysAsnLysIleProPheThrLeuHisThrTyrAspHisAspProAsnAsn

ThrHisPheGlyAspGluAlaAlaGluLysLeuGlyLeuAspProHisGlnSerPheLysThrLeuLeuValAlaGlu
uAsnGlyAspGlnLysLysLeuAlaCysPheValLeuSerThrAlaAsnMetLeuSerLeuLysLysAlaAlaLysS
erIleGlyValLysLysValGluMetAlaAspLysAspAlaAlaGlnLysSerThrGlyTyrLeuValGlyGlyIleSer
ProLeuGlyGlnLysLysArgValLysThrValIleAsnSerThrAlaLeuGluPheAspThrIlePheValSerGlyGl
yLysArgGlyLeuSerValGluLeuSerProGlnAspLeuAlaLysLeuLeuAsnAlaGluPheValAspIleIleAs
pGluGlu

3.2.4 Вопросы для зачёта

1. Фенол-хлороформный метод выделения ДНК.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

2. Выделение ДНК на сорбенте: колоночный метод.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

3. Выделение ДНК на сорбенте: выделение с помощью силикагеля.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

4. Метод выделения ДНК осаждением.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

5. Спектрофотометрический метод измерения концентрации нуклеиновых кислот.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

6. Флюориметрия для оценки концентрации нуклеиновых кислот.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

7. Одномерный гель-электрофорез для определения качества ДНК. Капиллярный электрофорез.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

8. Метод ПЦР-опосредованного сайт-направленного мутагенеза.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3) Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

9. Амплификация рефрактерной мутационной системы.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

10. Сиквенс-специфическая ПЦР.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

11. Анализ полиморфизма длин рестрикционных фрагментов.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

12. ПЦР с лигированием синтетических олигонуклеотидов.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

13. Метод ПЦР с применением аллель-специфических олигонуклеотидов.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

14. ПЦР в реальном времени.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

15. Анализ конформационного полиморфизма однонитевой ДНК.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

16. Денатурирующий градиентный гель-электрофорез.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

17. Метод гетеродуплексного анализа.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

18. Метод химического расщепления некомплементарных сайтов.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

19. Аффинная хроматография для разделения и выделения белков.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

20. Высокоэффективная жидкостная хроматография в протеомике.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

21. Двухмерный электрофорез в геле для разделения белков.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

22. Рентгеноструктурный анализ в протеомике.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

23. Инфракрасная спектроскопия для определения структуры белков.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

24. Рамановская спектроскопия в протеомике.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

25. Метод ядерно-магнитного резонанса (ЯМР-спектроскопия).

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

26. Секвенирование нуклеиновых кислот по Сэнгеру.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

27. Метод секвенирования по Максаму – Гилберту.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

28. Пиросеквенирование.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

29. Секвенирование с лигированием.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

30. Секвенирование с синтезом (платформа Illumina).

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

31. Ионно-полупроводниковое секвенирование.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

32. Одномолекулярное секвенирование в реальном времени.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

33. Секвенирование в нанопоре.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

34. Прямое секвенирование белков по Эдману.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

35. Секвенирование белков с помощью масс-спектрометра MALDI-TOF.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

36. Секвенирование протеинов масс-спектрометром ESI-MS.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

37. Tandemный масс-спектрометр для определения состава белков.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

38. Молекулярный «фишинг»: парамагнитные частицы.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

39. Молекулярный «фишинг»: биочипы.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

40. Двугибридные клеточные системы.

План ответа: 1) Суть метода и основные этапы, 2) Аппаратная реализация метода, 3)

Преимущества и недостатки метода, 4) Область применения метода.

4. ПОРЯДОК ПРОВЕДЕНИЯ И КРИТЕРИИ ОЦЕНИВАНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

40.1 Порядок проведения промежуточной аттестации

Промежуточная аттестация по дисциплине проводится по системе зачёт/незачёт по билетам. Каждый билет содержит 1 вопрос и 1 задачу (см. раздел 3.2.3).

При необходимости инвалидам и лицам с ограниченными возможностями здоровья предоставляется дополнительное время для подготовки ответа на зачёте.

При проведении процедуры оценивания результатов обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья предусматривается использование технических средств, необходимых им в связи с их индивидуальными особенностями. Эти средства могут быть предоставлены ЧелГУ или могут использоваться собственные технические средства.

Процедура оценивания результатов обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья по дисциплине (модулю) предусматривает предоставление информации в формах, адаптированных к ограничениям их здоровья и восприятия информации:

Для лиц с нарушениями зрения:

- в печатной форме увеличенным шрифтом,
- в форме электронного документа,

Для лиц с нарушениями слуха:

- в печатной форме,
- в форме электронного документа.

Для лиц с нарушениями опорно-двигательного аппарата:

- в печатной форме,
- в форме электронного документа,

Данный перечень может быть конкретизирован в зависимости от контингента обучающихся.

При проведении процедуры оценивания результатов обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья по дисциплине обеспечивается выполнение следующих дополнительных требований в зависимости от индивидуальных особенностей обучающихся:

- а) инструкция по порядку проведения процедуры оценивания предоставляется в

доступной форме (устно, в письменной форме, устно с использованием услуг сурдопереводчика);

б) доступная форма предоставления заданий оценочных средств (в печатной форме, в печатной форме увеличенным шрифтом, в форме электронного документа, задания зачитываются ассистентом, задания предоставляются с использованием сурдоперевода);

в) доступная форма предоставления ответов на задания (письменно на бумаге, набор ответов на компьютере, с использованием услуг ассистента, устно).

При необходимости для обучающихся с ограниченными возможностями здоровья и инвалидов процедура оценивания результатов обучения по дисциплине может проводиться в несколько этапов.

Проведение процедуры оценивания результатов обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья допускается с использованием дистанционных образовательных технологий.

40.2 Критерии оценивания промежуточной аттестации по видам оценочных средств

40.2.1 Критерии оценивания вопроса

«Зачтено» – студент глубоко и полно владеет содержанием учебного материала; умеет связывать теорию с практикой, верно решает задачи, теоретические выводы подтверждает примерами, фактами, данными научных исследований; осуществляет межпредметные связи. Выводы студента логичны и полны. Студент ясно и кратко излагает ответы на поставленные вопросы; умеет обосновывать свои суждения и профессионально-личностную позицию по рассматриваемым вопросам. Допустимо, что студент обнаруживает знание и понимание основных положений учебного материала, но излагает его неполно, допускает неточности и ошибки.

«Не зачтено» – студент имеет разрозненные, бессистемные знания: не умеет выделять главное и второстепенное; допускает ошибки в определении понятий, формулировке теоретических положений, искажает их смысл; не умеет соединять теоретические положения с практикой.

40.2.2 Критерии оценивания решения ситуационных задач

Критерии	Балл
Получен верный результат, студент верно понимает и может объяснить ход решения	5
Полученный результат отличается от верного из-за ошибки вычислительного характера, однако принцип решения студент понимает верно	4
Полученный результат отличается от верного из-за методической ошибки, принцип решения студент понимает не полностью	3
Верный результат не получен, студент не может объяснить принцип решения	2

40.3 Результаты промежуточной аттестации и уровни сформированности компетенций

40.3.1 Результаты промежуточной аттестации

«Зачтено» – студент глубоко и полно владеет содержанием учебного материала; умеет связывать теорию с практикой, верно решает задачи, теоретические выводы подтверждает примерами, фактами, данными научных исследований; осуществляет межпредметные связи. Выводы студента логичны и полны. Студент ясно и кратко излагает ответы на поставленные вопросы; умеет обосновывать свои суждения и профессионально-личностную позицию по рассматриваемым вопросам. Допустимо, что студент обнаруживает знание и понимание основных положений учебного материала, но излагает его неполно, допускает неточности и ошибки.

«Не зачтено» – студент имеет разрозненные, бессистемные знания: не умеет выделять главное и второстепенное; допускает ошибки в определении понятий, формулировке теоретических положений, искажает их смысл; не умеет соединять теоретические положения с практикой.

40.3.2 Уровни сформированности компетенций:

1. Пороговый уровень: предполагает формирование компетенций на начальном уровне – знание основных техник выделения и очистки нуклеиновых кислот и белков из биологических образцов; знание базовых принципов и особенностей геномной архитектуры для представителей разных доменов и форм жизни.
2. Базовый уровень: предполагает формирование компетенций на более высоком уровне – знание методов изучения структурных особенностей нуклеиновых кислот и белковых молекул; владение навыками поиска молекулярно-генетической информации в открытых базах данных.

3. Продвинутый уровень: предполагает формирование компетенций на высоком уровне, готовность к самостоятельной профессиональной деятельности – владение методами обработки биоинформатических данных; навык планирования геномного и/или протеомного исследования для решения практических задач.

**06.04.01 Биология, ОПОП Медико-биологические науки,
Биотехнология, ФОС РПД Геномика и протеомика, форма
обучения очная**

Проректор по учебной работе утверждено 24.02.2025 А.А. Саламатов

Ученым советом биологического факультета

Протокол заседания № 6 от 21.02.2025

Председатель Ученого совета

биологического факультета согласовано Д.С. Сташкевич

Заседанием кафедры микробиологии, иммунологии и общей биологии

Протокол заседания № 6 от 21.02.2025

Заведующий кафедрой согласовано А. Л. Бурмистрова

Автор (составитель) А.В. Евдокимов

**Структура рабочей программы соответствует приказу ректора ФГБОУ
ВО «ЧелГУ» от «13» апреля 2021 г. № 247-1**