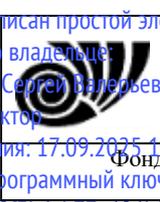


Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Таскаев Сергей Валерьевич
Должность: Ректор
Дата подписания: 17.09.2025 10:58:44
Уникальный программный ключ:
04c19ed8bfb98f3b6cb77a486b9a8788b8322323

	МИНОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИИ Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Челябинский государственный университет» (ФГБОУ ВО «ЧелГУ»)
Фонд оценочных средств по дисциплине «Методы и объекты генетического анализа» по направлению подготовки 06.03.01 «Биология» ФГБОУ ВО «ЧелГУ»	стр. 1

**Фонд оценочных средств
для промежуточной аттестации
по дисциплине (модулю)**

Методы и объекты генетического анализа

Направление подготовки (специальность)
06.03.01 Биология

Направленность (профиль)
Генетика

Присваиваемая квалификация
Бакалавр

Форма обучения
очная

Год (ы) набора: 2023

Челябинск, 2025 г.

1. ПАСПОРТ ФОНДА ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

Направление подготовки: **06.03.01 Биология**

Направленность (профили): Генетика

Дисциплина: **Методы и объекты генетического анализа**

Семестры изучения: 7

Форма промежуточной аттестации: зачет

2. ПЕРЕЧЕНЬ ФОРМИРУЕМЫХ КОМПЕТЕНЦИЙ

2.1. Компетенции, закреплённые за дисциплиной

Изучение дисциплины «Методы и объекты генетического анализа» 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	4
ПК-1	Способен применять современные методы обработки, анализа и синтеза полевой, производственной и лабораторной биологической информации, правила составления научно-технических проектов и отчетов	ПК-1.1 Применяет принципы анализа информации, принципы работы современной аппаратуры и вычислительных средств.	Знать: Для достижения индикатора ПК1.1. основные технологии генетического анализа, применяемые для изучения наследования признаков Уметь: Для достижения индикатора ПК-1.2. формулировать и решать практические и научные задачи, предполагающие знание генетического анализа
		ПК-1.2 Использует теоретические знания в лабораторной работе.	Владеть: Для достижения индикатора ПК-1.3. умением планировать исследования, направленные на выявление генотипа отдельной особи и генофонда популяции в целом

		ПК-1.3 Составляет научно-техническую документацию.	
ПК-2	Способен применять методы исследования генетического материала на молекулярном, клеточном, организменном и популяционном уровнях	ПК-2.1 Обладает базовыми представлениями об основных методах генетики и селекции, генетики человека и животных.	<p>Знать: Для достижения индикатора ПК-2.1. основные методы генетического анализа наследования признаков; современные генетические подходы к анализу сцепления генов</p> <p>Уметь: Для достижения индикатора ПК-2.3. анализировать результаты генетических скрещиваний</p> <p>Владеть: Для достижения индикатора ПК-2.2. навыками интерпретации результатов скрещиваний, тетрадного анализа приемами генетического анализа, используемыми для выявления мутаций</p>
		ПК-2.2 Использует навыки планирования исследований, направленных на определение генотипа отдельного индивида и генофонда популяции в целом.	
		ПК-2.3 Применяет методы работы с современной аппаратурой и вычислительными средствами.	

3. СОДЕРЖАНИЕ ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

3.1 Виды оценочных средств

№ п/п	Код компетенции/планируемые результаты обучения	Контролируемые темы/разделы	Наименование оценочного средства для текущего контроля	Наименование оценочного средства на промежуточной аттестации № задания
1	ПК-1 Знать: Для достижения индикатора ПК1.1. основные технологии генетического анализа, применяемые для изучения наследования признаков	1. Предмет, цели, задачи и методы генетического анализа 2. Модельные объекты генетического анализа, Их характеристика, методы ра-	Устный опрос, реферативное сообщение, решение задач	Вопросы к зачету № 1-8

	<p>Уметь: Для достижения индикатора ПК-1.2. формулировать и решать практические и научные задачи, предполагающие знание генетического анализа</p> <p>Владеть: Для достижения индикатора ПК-1.3. умением планировать исследования, направленные на выявление генотипа отдельной особи и генофонда популяции в целом</p>	<p>боты с ними</p> <p>3. Анализ числа генов, определяющих различие альтернативных состояний признака</p> <p>4. Типы наследования: хромосомное и нехромосомное, независимое и сцепленное</p> <p>5. Классификация изменчивости, методы учета. Анализ мутаций</p>		
2	<p>ПК-2</p> <p>Знать: Для достижения индикатора ПК-2.1. основные методы генетического анализа наследования признаков; современные генетические подходы к анализу сцепления генов</p> <p>Уметь: Для достижения индикатора ПК-2.3. анализировать результаты генетических скрещиваний</p> <p>Владеть: Для достижения индикатора ПК-2.2. навыками интерпретации результатов скрещиваний, тетрадного анализа приемами генетического анализа, используемыми для выявления мутаций</p>	<p>1. Предмет, цели, задачи и методы генетического анализа</p> <p>2. Модельные объекты генетического анализа, Их характеристика, методы работы с ними</p> <p>3. Анализ числа генов, определяющих различие альтернативных состояний признака</p> <p>4. Типы наследования: хромосомное и нехромосомное, независимое и сцепленное</p> <p>5. Классификация изменчивости, методы учета. Анализ мутаций</p> <p>6. Популяционные и статистические методы генетического анализа</p>	<p>Устный опрос, реферативное сообщение, решение задач</p>	<p>Вопросы к зачету № 1-33</p>

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

3.2 Содержание оценочных средств

Оценочные средства промежуточной аттестации» представлены перечнем вопросов для зачета.

1. Предмет генетического анализа. Принцип и этапы генетического анализа.

Ответ: *Предметом* изучения в генетическом анализе является фенотип организма, его отдельные признаки. *Признаком* в генетике считают любое свойство, любую особенность, по которым особи могут отличаться друг от друга.

Принцип анализа - получение наследственно различающихся по изучаемым признакам форм и изучение этих различий на разных уровнях: организменном, клеточном, молекулярном, популяционном.

Основная задача первого этапа анализа - изучение наследования отдельных признаков для установления гена. Следующий этап анализа предполагает локализацию установленных генов в группе сцепления и картирование хромосом. Расшифровка биохимических нарушений метаболизма в результате действия установленных генов, выяснение механизмов их действия и функций и анализ структуры генов – завершающий этап изучения генетического контроля отдельных признаков.

2. Значение объекта в генетическом анализе. Роль модельных объектов.
Генетические коллекции.

Ответ: Биологические особенности объекта исследований лежат в основе планирования генетических экспериментов и выбора методов анализа.

Среди биологических характеристик, необходимых для грамотного проведения генетического анализа, важнейшими являются жизненный цикл, способ размножения, продолжительность жизни и репродуктивного периода, плодовитость.

Особую роль в генетическом анализе играют так называемые модельные объекты, работая с которыми исследователь может значительно ускорить и облегчить процесс анализа. Модельным объектом обычно считают организмы, удовлетворяющие большинству требований экспериментатора при решении определенной генетической задачи, прежде всего обеспечивающие большую разрешающую способность анализа.

3. Задачи генетического анализа. Основные методы генетического анализа, его возможности при исследовании разных объектов.

Ответ: Задачи: 1) Изучение наследования отдельных признаков, 2) Локализация генов, 3) Анализ структуры и функции гена, 4) Геномный анализ, 5) Анализ генетической структуры популяций, 6) Анализ мутаций

Основной специфический метод генетического анализа - гибридологический метод - создан и разработан И. Г. Менделем в 1865 г. Его основные особенности заключаются в следующем. Для скрещивания подбираются (или создаются) гомозиготные исходные формы, различающиеся по одному или нескольким альтернативно, контрастно проявляющимся признакам. Проводится индивидуальный анализ потомства от каждого скрещивания в ряду поколений. В каждом поколении ведется строгий количественный учет всех потомков по всем изучаемым признакам, причем отдельно по каждому признаку, независимо от других. Это - один из важнейших принципов анализа расщепления. Обычно анализируют два или три (или больше поколения рецiproкных скрещиваний).

4. Жизненные циклы и способы размножения у животных.

Ответ: У высших животных основная часть жизненного цикла проходит в диплофазе. Гаплофаза представлена гаметами. Первая является многоклеточной, вторая - одноклеточной.

При половом размножении происходит процесс оплодотворения, который у животных

начинается с активации яйца за счет соприкосновения головки сперматозоида с яйцом. Вторая фаза оплодотворения идет после проникновения в яйцо сперматозоида и его слияния с яйцеклеткой (сингамия). Проникновение сперматозоида может происходить на разных стадиях развития женской гамет. После проникновения в яйцеклетку ядро сперматозоида постепенно набухает, становится похожим на интерфазное и превращается в семенное ядро или пронуклеус. В оплодотворении участвуют два пронуклеуса - яйцеклетки и сперматозоида, при слиянии которых (кариогамии) образуется диплоидная зигота.

Кроме нормального полового процесса у животных существуют так называемые нерегулярные типы полового размножения - партеногенез, гиногенез и андрогенез.

5. Жизненные циклы и способы размножения у растений.

Ответ: Большая часть жизненного цикла у высших растений также представлена диплофазой - спорофитом, т. е. собственно растением; гаплоидная фаза ограничена гаметофитом и гаметами. У растений наблюдается большое разнообразие жизненных циклов в связи с наличием и чередованием у многих видов разных типов размножения: полового, бесполого и апомиксиса.

Для полового процесса высших растений характерно наличие двойного оплодотворения. Оно заключается в том, что в зародышевый мешок проникает два спермия. Один из них сливается с ядром яйцеклетки, образуя диплоидную зиготу, из которой развивается зародыш, второй - с диплоидным полярным ядром, образуя триплоидный эндосперм.

Если половое размножение у растений осуществляется при инбридинге, то происходит слияние половых клеток родственных растений. Наиболее эффективным способом инбридинга является самоопыление, свойственное большинству видов однолетних растений.

6. Жизненные циклы и способы размножения у грибов-аскомицетов.

Ответ: Грибы (так же как и водоросли) по строению клетки и способам размножения относятся к низшим эукариотам. Однако они сходны и с бактериями и вирусами (прокариотами); большинство признаков и свойств у них обнаруживается в культуре, представляющей собой генетически однородные клоны, возникающие при бесполом размножении из отдельных клеток. Клоновые признаки - морфологию колоний, ауксотрофность, устойчивость к антибиотикам и другим лекарственным препаратам и пр. - используют в генетическом анализе как генетические маркеры.

Половой процесс есть у многих грибов. Оплодотворение происходит в разные моменты жизненного цикла. Гибридизация при нормальном половом процессе осуществляется за счет копуляции путем слияния гамет и образования диплоидной зиготы.

У некоторых грибов, например у аспергилла, наряду с нормальным половым процессом может идти так называемый парасексуальный процесс.

7. Признаки организмов. Требования к признакам. Системы скрещиваний, применяемые в ген. анализе.

Ответ: Признак" - это условное обозначение единицы морфологической, физиологической или биохимической дискретности организма. Т.е., это качество организма, по которому одна его часть отличается от другой или одна особь от другой. В генетическом смысле признаком можно назвать любую особенность, выявляемую при описании организма: высоту, вес, цвет глаз, форму листьев, размер молекулы белка.

Система гибридологического анализа по Менделю:

Для проведения гибридологического анализа требуется соблюдение нескольких требований к изучаемым признакам:

1) Являются четко контрастными, в этом случае анализ наследования облегчается. 2) Избранные для анализа признаки родительских форм должны быть константны, т.е., при близкородственных скрещиваниях или самоопылении они должны стойко наследоваться. 3) При наличии нескольких анализируемых признаков необходимо проводить анализ каждого из признаков в отдельности. 4) Учитываются все потомки родительских особей, взятых в эксперимент. 5) Индивидуальный (посемейный) анализ потомства гибридов, т.е., статистически обрабатываются данные, полученные от каждой из пар родительских особей.

8. Анализ наследования отдельных признаков. Анализ первого поколения. Анализ расщеплений во втором поколении.

Ответ: Изучение наследования отдельных признаков - первый этап генетического анализа. Основная его цель заключается в выявлении генов, контролирующих признак, и изучении свойств этих генов. Сведения о генетике отдельных признаков составляют фундамент для создания генетических моделей, для решения других задач генанализа.

Расщепления также зависят от локализации гена, от типа аллельных взаимодействий, от условий среды.

Характер расщепления, т. е. число и соотношение фенотипических классов в F₂, лежит в основе выдвижения гипотез о числе генов, по которым происходит расщепление, типе их взаимодействия и локализации.

При локализации гена в аутосоме нормальное моногенное менделевское расщепление в реципрочных скрещиваниях одинаково – 3/4 доминантных: 1/4 рецессивных потомков при полном доминировании или 1/4 : 2/4 : 1/4 при неполном доминировании и кодоминировании.

9. Логика анализа и статистическая проверка гипотез. Метод χ^2 как способ оценки однородности расщеплений, полученных в разных опытах. Анализ расщеплений на малых выборках.

Ответ: Логика анализа сводится к предложению гипотез (нулевая гипотеза – Н₀) на основе известных «модельных расщеплений и их статической проверке. Нулевая гипотеза предполагает соответствие между опытными и теоретическими рассчитанными данными. В реальных ситуациях почти всегда наблюдаются отклонения от теоретически ожидаемого расщепления. Эти отклонения могут быть прежде всего вероятностного характера расщеплений и носят случайный характер.

Метод χ^2 позволяет установить соответствие опытных и ожидаемых результатов по каждому классу и по всему расщеплению в целом. Следует помнить, что этот метод не применим к значениям, выраженным в относительных числах и процентах, а также к выборкам с числом особей в каком-либо из теоретических классов меньше пяти. Оценка отклонения по критерию χ^2 ничего не говорит в пользу гипотезы, но на ее основе отвергают ложные гипотезы, если отклонение значимо. т. е. нет соответствия между опытными и теоретически рассчитанными величинами.

10. Возможные причины нарушения единообразия первого и второго поколений, их анализ. Нарушения в мейозе.

Ответ: можно выделить три этапа, на которых разные мутации вызывают нарушение мейоза: этап вступления клеток в деление – мейотическое или митотическое, в течение которого работают одни и те же гены. Мутации в них могут переключать деления - вызывать митоз вместо мейоза (деление без редукции). Этап конъюгации гомологичных хромосом, который может быть нарушен двумя основными типами мутаций - асинаптическими и десинаптическими. Асинаптические мутации приводят к полному подавлению конъюгации хромосом, десинаптические влияют на процессы хиазмообразования и терминализацию хиазм. Гены десинапсиса влияют и на кроссинговер - уменьшают частоту рекомбинаций. О нарушении правильного расхождения хромосом в мейозе узнают по частичной и полной мужской или женской стерильности, появлению анеуплоидов и по отклонению в расщеплении по каким-нибудь генам.

11. Возможные причины нарушения единообразия первого и второго поколений, их анализ. Причины, связанные со структурой и функционированием хромосом.

Ответ: О нарушении правильного расхождения хромосом в мейозе узнают по частичной и полной мужской или женской стерильности, появлению анеуплоидов и по отклонению в расщеплении по каким-нибудь генам.

Изучение мейотических мутантов не только позволяет объяснить все эти явления, но выявить роль отдельных структур аппарата веретена, синапсиса и хиазмообразования и др. в сложном процессе мейоза. Тест на аллелизм, обязательно проводимый на мейотических мутантах, дает возможность выявить число генов, контролирующих мейоз, влияние каждого из них и их совместные эффекты у полиплоидных и анеуплоидных форм происходит систематическое отклонение в расщеплениях в силу того, что у них нарушается нормальная попарная конъюгация хромосом.

12. Возможные причины нарушения единообразия первого и второго поколений, их анализ. Самонесовместимость.

Ответ: При наличии самонесовместимости проведение генетического анализа обычным гибридологическим методом - получением F₂ путем самоопыления гибридов F₁, - практически невозможно. Поэтому на перекрестно опыляемых растениях приходится прибегать к применению специальных приемов анализа или использовать искусственно полученные автофертильные линии. Кроме самонесовместимости у растений встречается также перекрестная несовместимость, контролируемая гаметофитными генами. Этот тип несовместимости обеспечивает селективность прорастания определенных типов пыльцы.

Наличие системы несовместимости нарушает случайный характер оплодотворения и может служить причиной отклонений в расщеплениях по генам, сцепленным с генами само- и перекрестной несовместимости.

13. Возможные причины нарушения единообразия первого и второго поколений, их анализ. Летальность.

Ответ: Другим вариантом неслучайного отклонения от элементарных формул расщепления является ситуация с разной выживаемостью особей или зигот, имеющих разные генотипы. Известно, что при скрещивании между собой желтых мышей в потомстве происходит расщепление 2:1 на желтых и черных. Такой же пример -

скрещивание платиновых лисиц. В их потомстве рождаются платиновые и серебристые лисы в соотношении 2:1. Анализ показал, что все платиновые лисы - гетерозиготны, а гомозиготных по этому признаку животных не существует, поскольку все они погибают на ранних стадиях эмбриогенеза, т.о., платиновая окраска - это доминантный признак, проявляющийся лишь в гетерозиготном состоянии. Ситуация, когда гибнут особи, гомозиготные по доминантным аллелям, называется доминантной летальностью. Существует и рецессивная летальность, когда гибнут особи, гомозиготные по рецессивному аллелю гена.

14. Возможные причины нарушения единообразия первого и второго поколений, их анализ. Зависимость нарушений при расщеплении от типа полового размножения.

Ответ: При половом размножении развитие организмов происходит из зигот, возникающих при слиянии половых клеток. Нарушение нормального полового процесса или наличие нерегулярных типов полового размножения (партеногенеза, андрогенеза, гиногенеза) в жизненном цикле изменяют характер наследования.

Впервые данные о наследовании при партеногенезе у ястребинок (*Hieracium*) были получены Г. Менделем. Он отмечал, что у *Hieracium* наблюдается противоположное тому, что обнаруживалось у гороха: в первом поколении не было единообразия, а в F₂ не происходило расщепления. Мендель не смог объяснить этих явлений, так как он не знал, что в роде *Hieracium* распространена апогамия (партеногенез).

В природе многие виды размножаются партеногенетически - низшие ракообразные, пчелы, ящерицы, некоторые рыбы; среди растений - малина, манжетки, лапчатки, ястребинки и др.

При амейотическом партеногенезе, протекающем без мейоза, все потомки, развивающиеся из диплоидной клетки - гомо- или гетерозиготной - оказываются одинаковыми, такими же, как мать, расщепления в потомстве не происходит.

Если партеногенетическое развитие осуществляется после мейоза (гаплоидный партеногенез), то гетерозиготный материнский организм может образовать два сорта гамет (A и a) с равной вероятностью и расщепление зависит от соотношения выживших гаплоидных особей с разным генотипом.

15. Независимое наследование взаимодействующих генов. Варианты.

Ответ: Из работы Менделя следовало, что расщепления в F₂ по нескольким генам, локализованным в аутосомах, подчиняются формуле независимого наследования (3: 1)ⁿ, где n - число генов, по которым идет расщепление. Для двух генов это - 9AB : 3Ab : 3aB : 1 ab, для трех - 27 ABC : 9ABc ; 9aBC : 9AbC : 3Abc : 3aBc : 3aBC : 1 abc. Из курса общей генетики известны примеры расщеплений для двух (9 : 3 : 3 : 1, 9 : 6 : 1, 9 : 3 : 4, 9 : 7, 12 : 3 : 1, 13 : 3, 15 : 1) и трех (27 : 37, 63 : 1 и др.) взаимодействующих генов.

Расщепления по нескольким генам часто трудно понять «на глаз». Для их расшифровки и объяснения полезно напомнить следующее. Количество классов в F₂ может служить отправной точкой для выявления числа генов, по которым оно происходит: при моногенном различии между формами наблюдается либо два, либо три класса в F₂.

Появление в потомстве F₂ четырех или большего числа фенотипических классов указывает на участие в расщеплении более одной аллельной пары (при гомозиготности исходных родительских форм). Соотношение классов, отличное от моногенных (3 : 1, 1 : 2 : 1), также свидетельствует об этом.

16. Сцепленное наследование взаимодействующих генов. Варианты.

Ответ: сцепление между генами можно обнаружить при скрещивании по уменьшению количества генотипических классов (при дигибридном скрещивании и независимом наследовании в F_2 будет расщепление 9:3:3:1, при F_b - 1:1:1:1; при сцепленном наследовании 1:2:1 и 1:1 соответственно).

Итак, примем, что: 1) генов в хромосоме может быть много; 2) гены располагаются в хромосоме линейно; 3) каждая аллельная пара занимает определенные и идентичные локусы. Позже оказалось, что степень сцепления между двумя определенными генами всегда одинакова, но для разных пар генов она различна. Чтобы объяснить это явление, Морган предположил, что сила сцепления обратно пропорциональна расстоянию между генами. Для объяснения случаев нарушения сцепления он предположил, что во время редукционного деления происходит обмен гомологичными участками между двумя хромосомами одной пары. Эту теорию встретили критически, но вскоре цитолог Ф. Янссенс сделал наблюдения, подтверждающие эту теорию. Обмен участками хромосом получил название перекреста или кроссинговера.

17. Роль циклических скрещиваний в генанализе при установлении числа генов, контролирующих признак. Особенности гибридологического метода анализа. Методы генетической проверки гипотез.

Ответ: В циклических скрещиваниях используется несколько различающихся по одному признаку форм, которые скрещиваются реципрокно между собой. Сопоставление результатов этих скрещиваний позволяет выявить в ряде случаев значительное число генов, которые невозможно или трудно установить в отдельных скрещиваниях с ограниченными выборками. Такого рода скрещивания можно представить в виде таблицы.

По горизонтали в верхней строке таблицы записывают фенотипы женских организмов всех исследуемых форм; при фенотипическом сходстве образцов их нумеруют. По вертикали слева записывают фенотипы мужских форм. Из таблицы видно, что в этой системе скрещиваний есть контроль – скрещивание родителей, принадлежащих к одной и той же линии, что позволяет проводить проверку на гомозиготность исходных родителей (они отмечены буквой К). Есть реципрокные скрещивания для каждой пары родителей - П и О (прямое и обратное).

18. Особенности наследования количественных признаков. Возможные методы их изучения.

Ответ: Наличие четко различимых альтернативных дискретных проявлений признака характерно лишь для качественных признаков. Существует большое количество так называемых количественных признаков, проявляющих в большей или меньшей степени непрерывную изменчивость, при которой значение признака изменяется не дискретно, а в той или иной степени. Другими словами, различия между особями по количественным признакам носят количественный характер и требуют измерений. Закономерности наследования количественных признаков отличаются от таковых описанных для качественных признаков.

В первом поколении от скрещивания особей, различающихся по количественному признаку (высокий X низкий, широкий X узкий, позднеспелый X раннеспелый и т. д.),

как правило, *получают относительно однородную популяцию, промежуточную по сравнению с исходными формами.* Эта «промежуточность» необязательно средняя между ними. В F₂ признак проявляется аналогично, но его изменчивость обычно больше, чем в F₁ и у исходных форм, она описывается, как правило, кривой нормального распределения. В F₁ могут проявляться крайние отклонения, отсутствующие у исходных форм (положительная и отрицательная трансгрессия). Другое отличие количественных признаков от качественных *сильная зависимость их проявления от среды.*

19. Тетрадный анализ. Суть метода, области применения. Задачи, решаемые с помощью тетрадного анализа.

Ответ: При развитии половых клеток в результате двух мейотических делений из одной диплоидной клетки возникают четыре клетки (клеточная тетрада).

Еще в 20-х годах были найдены объекты (мхи), у которых удалось проанализировать расщепление в пределах одной тетрады. Данный метод, позволяющий устанавливать расщепление гамет после двух делений созревания (мейоза), был назван тетрадным. Он позволяет анализировать гаметы, возникшие в результате мейотического деления, и развившиеся из них гаплоидные особи. Этот метод впервые позволил непосредственно доказать, что менделевское расщепление является результатом закономерного ода мейоза, что оно представляет не статистическую, а биологическую закономерность.

У большинства низших организмов длительность диплоидной фазы (зиготы) очень мала, а наиболее продолжительна в жизненном цикле гаплоидная фаза. Эта особенность низших организмов и позволяет наиболее успешно применять к ним метод тетрадного анализа. Примером может служить исследование одной аллельной пары у дрожжей. Так, у дрожжей рода *Saccharomyces* встречаются клетки, дающие красные и белые колонии. Эти альтернативные признаки определяются одной аллельной парой гена окраски. При слиянии гаплоидных гамет образуется диплоидная зигота F₁. Она вскоре приступает к мейозу, в результате которого в одном аске образуется тетрада гаплоидных спор. При помощи микроманипулятора под контролем микроскопа изолируют споры из каждой сумки-тетрады отдельно и выращивают из них индивидуальные гаплоидные культуры. При этом, если вы работали с исходным штаммом-диплоидом, гетерозиготным по какому-либо гену (A / a), то в потомстве каждой тетрады у вас будут вырастать два гаплоида с признаком A и два гаплоида с признаком a (2A : 2a). Это так называемое нормальное расщепление в тетрадах блестяще доказывает, что соотношение гамет 1A : 1a, постулированное для моногетерозиготы A / a Менделем, действительно строго закономерно реализуется в мейозе как результат точного распределения гомологичных хромосом и находящихся в них генов.

Тетрадный анализ также используют для определения числа генов, отвечающих за проявление признака и для определения сцепления генов.

20. Тетрадный анализ. Различные виды расщепления, выявляемые в тетрадном анализе.

Ответ: Так, если во всех асках гибрида наблюдается расщепление 2A:2a, то это означает, что изучаемые признаки A и a определяются аллелями одного гена. Отклонения от расщепления 2:2 очень редки и могут быть вызваны конверсией гена и анеуплоидией.

Если родительские особи различаются по двум признакам, определяемым двумя генами, не сцепленными ни между собой, ни со своими центромерами, то используют метод

анализа частот различных видов тетрад.

При перенесении гибридных клеток на споруляционную среду они вступают в мейоз, который завершается образованием четырех аскоспор, генотип которых может быть различен и определяется равновероятной рекомбинацией негомологичных хромосом и высокой частотой рекомбинации между генами и центромерами. При этом возможно образование трех типов тетрад. Р - родительский тип тетрады, когда две споры имеют генотип одного родителя и две - другого. N - неродительский тип тетрады, когда все споры имеют рекомбинантный генотип, причем две споры относятся к одному реципрокному классу, а две - к другому. Т - тетратип, когда генотип всех спор тетрады различен: в каждой тетраде содержится по одной споре родительских генотипов и по одной споре рекомбинантных генотипов.

При отсутствии сцепления и при значительном расстоянии генов от своих центромер типы тетрад относятся между собой как 1Р:1N:4Т.

В тетрадном анализе принято обозначать частоту появления каждого из типов тетрад через $f(P)$, $f(N)$, $f(T)$ соответственно, причем эти частоты рассчитываются путем отнесения количества тетрад определенного типа к общему количеству тетрад.

$$f(P) = P / (P + N + T)$$

Очевидно, что при соотношении 1Р:1N:4Т, $f(P) = f(N) = 1/6$, а $f(T) = 3/6 = 2/3$.

Определение соответствия экспериментального соотношения Р, N, Т теоретически ожидаемому 1:1:4 обычно проверяют методом χ^2 .

Если анализируемые гены сцеплены между собой, то все споры тетрад неродительского дитипа и половина спор тетрад тетратипа могут возникнуть лишь в результате кроссинговера между этими генами. Это приводит к уменьшению доли N и T и возрастанию доли Р по сравнению с соотношением 1:1:4. Если статистический анализ показал, что $f(P) > f(N)$, а $f(T) < 2/3$, то сцепление можно считать доказанным.

Установив, что исследуемые гены сцеплены, можно рассчитать величину сцепления, т.е. определить расстояние между генами в хромосоме. Для этих целей используют уравнение

$D_{AB} = -33.33 \ln(1 - 1.5f(T))$, где D_{BA} - расстояние между генами А и В. Расстояние в этом случае измеряется в условных единицах, называемых стрейнами.

21. Методы определения группы сцепления гибридологическим методом. Картирование хромосом.

Ответ: Все примеры гибридологического анализа, основанного на оценке соотношения фенотипов в расщеплении, показывают, что он носит в определенной мере формальный характер. Это хорошо выявляется при объяснении неаллельных взаимодействий: в ряде случаев одно и то же расщепление, например 9 : 3 : 4, может быть истолковано либо как результат комплементарного взаимодействия двух генов, либо как рецессивный эпистаз; 9 : 7 - как двойной рецессивный эпистаз или комплементарное взаимодействие двух генов и т. д. Не случайно, что в литературе встречаются разные типы классификации неаллельных взаимодействий. По одной из них различаются комплементарное, эпистатическое и полимерное взаимодействия, по другой - все типы взаимодействия сводятся к разным формам эпистаза. А. С. Серебровский предлагал более дробную классификацию.

22. Методы определения группы сцепления с помощью хромосомных мутаций.

Ответ: При изучении сцепленного наследования для определения расстояния между генами предпочтительно использовать анализирующее скрещивание, в котором легко выявляются рекомбинантные классы. По их доле можно вычислить процент кроссинговера и выявить различия в частоте рекомбинаций у особей разного пола (если они есть) по результатам реципрокных скрещиваний, используя гетерозиготных особей либо в качестве женского, либо в качестве мужского родителя.

Наличие сцепления может быть установлено по результатам F_2 . При этом происходит отклонение от формулы независимого наследования, различное при скрещивании цис- и транс-гетерозигот. При равновероятном происхождении кроссинговера у особей обоих полов при расщеплении в потомстве цис-гетерозиготы отклонение от формул независимого наследования достаточно легко обнаруживается даже на сравнительно небольших выборках по увеличению доли двойных рецессивов и уменьшению доли рекомбинантных классов по сравнению с ожидаемыми при независимом наследовании.

В потомстве транс-гетерозигот происходит резкое уменьшение доли двойных рецессивов, даже при большом проценте кроссинговера. Это приводит к тому, что на небольших выборках класс двойных рецессивов может вообще не выщепиться.

Сравнивая доли разных классов, полученные в опыте, с табличными, определенными по формулам, можно установить, сцеплены ли гены, и примерно оценить процент кроссинговера.

Процент кроссинговера рассчитывается путем деления числа всех рекомбинантных организмов на общее число потомков.

Другими методами определения процента кроссинговера являются метод произведений и метод наибольшего правдоподобия. У некоторых видов у особей одного из полов кроссинговер не идет, например, у самцов дрозофилы и самок тутового шелкопряда. Эта особенность влияет на характер расщеплений и определение процента кроссинговера.

23. Методы определения группы сцепления с помощью различных форм анеуплоидии.

Ответ: Анеуплоиды систематически появляются в скрещиваниях полиплоидов ($2n \times 4n$, $3n \times 3n$ и т. д.), при межвидовой гибридизации, и могут возникать в результате нарушений в мейозе, например при нерасхождении хромосом. Это — трисомии ($2n+1$), моносомии ($2n-1$), тетрасомии ($2n+1+1$), нуллисомии ($2n-2$). У анеуплоидов избыточные или недостающие хромосомы принадлежат одной гомологической паре. Диплоидные растения ($2n$) являются нормальными дисомиями, так как все хромосомы у них парные. Анеуплоидные серии используют для определения группы сцепления у растений.

24. Методы определения группы сцепления методом гибридизации соматических клеток. Определение группы сцепления у грибов-аскомицетов на основе гаплоидизации.

Ответ: Суть метода сводится к определению характера наследования изучаемого гена по отношению к другим уже локализованным генам. Поскольку ген может принадлежать только к одной группе сцепления, он должен проявить сцепленное наследование с генами только одной хромосомы, а с остальными — независимое наследование.

У видов, имеющих половые хромосомы, легче всего устанавливается локализация генов в этих хромосомах по результатам реципрокных скрещиваний. Если в F_1 в одном из реципрокных скрещиваний обнаруживается крисс-кросс наследование, а в F_2

расщепления по изучаемому гену идут в соответствии с формулами 3:1 в одном и 1:1 в другом направлении скрещиваний, то это указывает на локализацию гена в X-хромосоме и отсутствие его в Y-хромосоме. При частичном сцеплении с полом (локализация гена в гомологичных участках X- и Y-хромосом) в F₂ расщепления в обоих направлениях рецессивных скрещиваний будут 3:1, но рецессивный признак в одном из скрещиваний будет проявляться только у самок, в другом — только у самцов.

При локализации гена в Y-хромосоме признак всегда будет передаваться только особям одного, гетерогаметного пола. Для локализации гена в аутосоме также проводят скрещивания, при этом используют линии с маркерами, уже локализованными в какой-либо хромосоме (или хромосомах). Эти скрещивания позволяют ответить на вопрос, принадлежит ли локализуемая мутация к той же группе сцепления, что и уже локализованные гены, или она относится к другой хромосоме. Чем больше хромосом имеют гены-маркеры, тем легче осуществляется локализация новых мутаций. Существует два способа локализации гена в аутосоме — дробный и одномоментный — в которых используются рецессивные или доминантные гены-маркеры в линии-тестере. Следует подчеркнуть, что при определении группы сцепления с помощью линий-тестеров, маркированных рецессивными мутациями, исследователь вынужден проводить анализ на основе расщепления в F₂ из-за отсутствия анализатора по всем исследуемым генам.

25. Принципы генетического картирования. Генетические карты хромосом и методы их построения. Метод изучения мейотических рекомбинантов. Построение с помощью митотического кроссинговера. Физические карты хромосом и методы их построения.

Ответ: Карта генома — это схема, определяющая хромосомную принадлежность и взаиморасположение (порядок и расстояние) генов и других компонентов генома. Карты генома можно классифицировать по объему предоставляемой информации (разрешающей способности) и методам построения. В зависимости от разрешающей способности выделяют *мелкомасштабные* карты (с низким уровнем разрешения), например, картина дифференциального окрашивания хромосом или генетические карты с расстоянием между соседними маркерами в 7—10 миллионов п.н. (мегабаз — Мб), и *крупномасштабные*, в идеале — полная последовательность нуклеотидов.

По методам построения различают физические и генетические карты (карты сцепления). Физические карты хромосом и методы их построения. *Физические карты* целой хромосомы или ее сегмента строятся на основе прямого исследования генетического материала и дают представление о реальном расположении генов в ДНК, расстояние между которыми и фланкирующими их маркерами выражается в п.н., что облегчает их идентификацию и изучение, а также секвенирование. В зависимости от используемого метода можно получить физические карты хромосом с различной степенью разрешения. Соответственно этому выделяют мелкомасштабные физические карты, к которым относятся цитогенетические (хромосомные) и транскрипционные (карты кДНК), и крупномасштабные — макрорестрикционные карты и карты контиг. Физические карты можно построить как для всего генома, так и для изолированной хромосомы. Изолированные хромосомы можно получить путем сортировки хромосом в потоке по размеру (проточная цитометрия), а также из гибридных клеточных линий (гибридные клетки «человек x мышь» при делении теряют преимущественно человеческие хромосомы, в результате чего остается лишь одна хромосома, такую гибридную клетку размножают и поддерживают клеточную линию). При необходимости получения

больших количеств определенного фрагмента ДНК при построении крупномасштабных карт используют методы ПЦР и клонирования.

26. Принципы генетического картирования. Цитологические карты хромосом и методы их построения. Изучение структуры политенных хромосом. Анализ дифференциально окрашенных метафазных хромосом. Методы гибридизации ДНК (FISH-метод).

Ответ: Цитогенетические карты дают информацию о расположении гена на хромосоме относительно ее участков, идентифицируемых методами дифференциального окрашивания. Благодаря такому окрашиванию хромосома в поле зрения микроскопа выглядит «поперечно исчерченной». Расположение окрашенных участков (бэндов) специфично для каждой хромосомы. Использование FISH-метода позволяет построить цитогенетические карты с разрешением 2—5 Мб, а его модификации для интерфазных хромосом — 0,1 Мб. Таким образом, локализация картированного с помощью FISH-метода гена может быть установлена с точностью до субсегмента и локуса бэнда. Например, согласно принятой цитогенетической номенклатуре ISCN-1995 и номенклатуре используемых в качестве маркеров сегментов ДНК с неизвестной функцией, запись 22q11.2 (D22S75) означает, что ген локализован во 2-ом субсегменте 1-го сегмента 1-го района длинного плеча хромосомы 22 методом гибридизации *in situ* в локусе D22S75 (D - ДНК, 22 - № хромосомы, S — уникальный маркер, 75 — № зонда в данном районе хромосомы).

Построение генетических карт основано на анализе сцепления полиморфных маркеров с хромосомами и сцепления определенных генов с этими маркерами. Методика построения генетических карт включает: формирование групп сцепления генов, контролирующих различные наследственные признаки; исследование взаимного расположения генов в этих группах и определение соответствия между генетическими группами сцепления и цитогенетически идентифицируемыми фрагментами или целыми хромосомами. Для построения полных карт сцепления необходимо наличие в локусах каждой хромосомы часто встречающихся аллелей (маркеров), принадлежность которых можно идентифицировать.

27. Анализ структуры гена. Тесты на аллелизм, их суть и применение в ген.анализе. Методы внутригенного картирования. Метод перекрывающихся делеций.

Ответ: Конечной задачей генетического анализа является анализ структуры и функции генов. Он включает в себя идентификацию, тонкое генетическое картирование, выделение и клонирование гена, а также выявление разных функциональных участков изучаемого гена. Ген идентифицируется на основе мутаций, нарушающих его функцию и приводящих к образованию измененного генного продукта, и, в конечном итоге, к изменению контролируемого им признака. Поэтому для проведения анализа гена прежде всего необходимо иметь возможно больше мутаций, затрагивающих изучаемый признак. Однако эти мутации могут быть локализованы как в одном гене, так и в нескольких генах. Принадлежность рецессивных мутаций одному или разным генам выявляется с помощью специального теста на функциональный аллелизм (или на комплементарность). Тест на аллелизм сводится к получению транс-гетерозигот по рецессивным мутациям, изменяющим один признак, для чего скрещивают мутантные формы между собой. Для тонкого генетического картирования применяют методы

классического и молекулярно-генетического анализа: метод делеционного картирования; учет мейотических рекомбинантов с использованием селективных способов их выделения; рестриктное картирование и секвенирование. Метод перекрывающихся делеций. Его применяют для картирования генов у прокариот. У низших эукариот делеционные мутанты достаточно редки и их трудно получить, у высших эукариот они, кроме того, часто летальны в гомозиготном состоянии, поэтому их мало используют для внутригенного картирования.

Однако принцип делеционного картирования применяется при цитологическом картировании хромосом у дрозофилы и рестриктном картировании. Целесообразно рассмотреть его более подробно.

28. Анализ структуры гена. Изучение структуры гена у высших эукариот. Принципы идентификации, выделения и анализа гена с помощью методов генетической инженерии.

Ответ: Для выделения и идентификации генов используют несколько методов.

Идентификация гена может быть проведена по продукту гена, например, по мРНК, которая используется для поиска соответствующего гена в клонотеке генов путем блот-гибридизации. Так были выделены и клонированы рибосомные гены, гены малой ядерной РНК, тРНК и др.

Если известна аминокислотная последовательность белка, то для выделения соответствующего гена можно использовать в качестве молекулярного зонда синтезированный *in vitro* олигонуклеотид (метод олигонуклеотидных зондов). На основе кодового словаря синтезируют набор олигонуклеотидов, которые могут кодировать 5-10 аминокислот, входящих в исследуемый полипептид, и их применяют в качестве зонда.

После выделения гена изучают его структуру с помощью рестрикционного картирования и определяют нуклеотидную последовательность.

Для анализа структурной и функциональной организации генов эукариот (экзоны, интроны, сайты инициации и терминации) помимо методов генетической инженерии используют также электронно-микроскопический анализ гибридных молекул РНК-ДНК (гетеродуплексный анализ). Поскольку гены эукариот имеют прерывистое строение: в них кодирующие области (экзоны) прерываются вставочными последовательностями (интронами), которые отсутствуют в зрелой мРНК, на препаратах гибридованных РНК-ДНК с помощью электронной микроскопии можно определять положение интронов.

29. Особенности наследования признаков у полиплоидов

Ответ: Явление полиплоидии (кратного или некратного увеличения числа хромосом) в большей или меньшей степени присуще всем группам растений и некоторым животным.

Многие роды растений представлены сериями полиплоидов - табак, пшеница, хризантемы, картофель, люцерна и др. Особенности наследования у полиплоидов определяются их происхождением.

В природе чаще всего полиплоидия связана с межвидовой или межродовой гибридизацией - аллополиплоидия. В аллополиплоидах гаплоидный набор хромосом одного или обоих родоначальных видов представлен по крайней мере дважды (амфидиплоиды). Если полиплоид имеет четное число основных наборов хромосом, он является сбалансированным, если нечетное - несбалансированным полиплоидом.

У автополиплоидов каждая хромосома набора представлена полностью гомологичными

хромосомами в количестве, соответствующем ploидности, - тремя, четырьмя и т. д. При этом изменяется доза доминантного гена, например, у тетраплоидов может возникать пять различных генотипов по одному гену: квадриплекс - AAAA, триплекс - AAAa, дуплекс - AAaa, симплекс - Aaaa и нуллиплекс - aaaa. Расщепления в их потомстве варьируют в зависимости от частоты образования квадриналентов, три- и униналентов в профазе первого деления мейоза, от расстояния гена от центромеры, а также от числа хиазм, типов взаимодействия генов и их локализации.

Например, у тетраплоидов регулярно происходит образование квадриналентов. В диакинезе они образуют кольца или цепи из четырех хромосом, либо триваленты и униналенты, либо два бивалента.

Расхождение хромосом из мультивалентов и распределение униналентов может происходить случайно или избирательно. В результате неправильного расхождения хромосом всегда образуются макро- и микроспоры с несбалансированным числом хромосом, часть из которых нежизнеспособна и не принимает участия в оплодотворении. У автополиплоидов расщепление может быть связано либо со случайным расхождением хромосом (случайное хромосомное расщепление), либо с расхождением хроматид (случайное хроматидное расщепление).

30. Методы обнаружения и количественного учета мутаций. Учет рецессивных летальных мутаций, локализованных в половых хромосомах.

Ответ: Установление генов, их идентификация, картирование хромосом и генов возможно только тогда, когда исследователь располагает набором мутаций, нарушающих нормальную работу генов. Они - инструмент для проведения генетического анализа. Для этих целей используется метод сцепленных X-хромосом. Суть в том, что сцепленные X-хромосомы всегда наследуются вместе, т.к. они соединены по центромере. В генотипе самок со сцепленными X-хромосомами присутствует так же Y-хромосома, полученная ими от отца. При скрещивании самок XXУ с нормальными самцами вновь возникают самки XXУ и самцы, получающие свою единственную X-хромосому от самца, а Y-хромосому - от самки.

Если обработанных мутагеном самцов скрещивать с самками XXУ, то все мутации, возникающие в X-хромосоме самцов, передаются мужским потомкам, и, следовательно, все рецессивные мутации проявятся у гемизиготных самцов первого поколения. Число изученных самцов соответствует количеству изученных X-хромосом. Частота мутирования определяется как отношение числа самцов, в потомстве которых появились мутанты, к общему числу самцов.

Генные мутации также могут быть летальными и не летальными. Специально для обнаружения рецессивных летальных мутаций есть методы CLB и Меллер-5

31. Методы обнаружения и количественного учета мутаций. Учет рецессивных летальных мутаций, локализованных в аутосомах. Обнаружение и учет хромосомных мутаций. Использование разных типов мутаций в генетическом анализе.

Ответ: Установление генов, их идентификация, картирование хромосом и генов возможно только тогда, когда исследователь располагает набором мутаций, нарушающих нормальную работу генов. Они - инструмент для проведения генетического анализа. *Метод Меллер-5.*

Линия-анализатор Меллер-5 содержит две инверсии, которые предотвращают кроссинговер, но не влияют на жизнеспособность мух. Кроме того, линия маркируется

какими-либо видимыми мутациями (Var, например).

Самцов после обработки скрещивают с самками Меллер-5. Проводят анализ мух F_1 , которые должны иметь фенотип Меллер-5. Самки унаследовали от отцов одну X-хромосому, в которой может быть локализована мутация. Для того, чтобы определить, какая из мух несет мутацию, проводят индивидуальные скрещивания самок F_1 с самцами Меллер-5. Анализируют потомство F_2 . Если появилось расщепление: 50% самцов и самок имеют дикий фенотип, половина - фенотип Меллер-5, то мутации нет.

Если в X-хромосоме самки есть леталь, то в F_2 не будет нормальных самцов. Для проверки нескольких самок из этой линии вновь скрещивают с самцами Меллер-5 и анализируют потомство F_3 . Если нет нормальных самцов, значит, прошла мутация.

Частота мутаций определяется как доля X-хромосом, несущих мутацию, от общего числа проанализированных X-хромосом.

Недостаток - медленный и трудоемкий метод. Преимущество - не нужно усыплять мух для анализа. Метод CLB Отличается от Меллер-5 тем, что в хромосоме у этой линии содержится рецессивная летальная мутация в гетерозиготном состоянии. В F_1 не образуется самцов CLB и в F_2 появляются только нормальные самцы, если в X-хромосоме нет летали. Если леталь присутствует, то в F_2 вообще не появляются самцы.

Можно использовать и другие тест-системы: грибы-аскомицеты (их используют для изучения генов ауксотрофных мутаций), культуры клеток (исследуют мутации по генам ферментов и отбельных белков), растения.

32. Анализ генетической структуры популяций. Методы генетического анализа популяций.

Ответ: В методологии популяционной генетики имеют дело с большими совокупностями особей, гетерогенными по своему генетическому составу. Исследование генетики популяций начинается и нередко заканчивается оценкой их наследственного разнообразия. Для надежной оценки необходимо долговременное изучение представительных выборок организмов, различающихся по полу, возрасту, другим особенностям. Желательно, чтобы анализ охватывал ряд последовательных поколений.

Количественная характеристика популяций возможна лишь на базе генетических различий, которые могут быть относительно просто и четко идентифицированы, как, например, мутационные изменения. Поэтому переходы на новые этапы в развитии генетики популяций каждый раз были связаны с разработкой новых*методов учета мутационных изменений.

В экспериментальной генетике популяций в период ее возникновения использовался метод инбридинга для выявления скрытых морфологических мутаций. Именно таким путем высокая генетическая гетерогенность была обнаружена С. С. Четвериковым с сотрудниками в популяциях дрозофилы, Э. Бауром в популяциях львиного зева, их последователями в популяциях других видов растений и животных.

33. Нахождение генотипических и аллельных частот. Закон Харди—Вайнберга и его модификации для разных случаев наследования в панмиктической популяции.

Ответ: Закономерность, которой должно подчиняться в панмиктической популяции распределение частот трех генотипических классов, контролируемых двумя аллелями одного аутосомного гена, была установлена в 1908 г. независимо друг от друга английским математиком Г. Харди и немецким медиком В. Вайнбергом. Следует,

однако, отметить, что пятью годами раньше та же закономерность, правда, не в столь строгой форме, была описана американским генетиком В. Кастлом и английским биометриком К. Пирсоном.

4. ПОРЯДОК ПРОВЕДЕНИЯ И КРИТЕРИИ ОЦЕНИВАНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

4.1. Порядок проведения промежуточной аттестации

Зачет по дисциплине «Методы и объекты генетического анализа» может быть выставлен по итогам текущей успеваемости.

Для студентов, не набравших необходимое количество баллов (75%) для выставления зачета по итогам текущей успеваемости, проводится зачетное занятие. Промежуточная аттестация проводится в форме письменного зачета по билетам. Билет содержит два теоретических вопроса.

Оценочные средства для промежуточной аттестации представлены перечнем вопросов к зачету.

4.2 Критерии оценивания промежуточной аттестации по видам оценочных средств

4.2.1 Критерии оценивания теоретического вопроса

Студент получает оценку «**зачтено**», если он владеет основными понятиями генетического анализа, представлениями о месте генетического анализа в системе генетической науки, знает основные методы генетического анализа, способность планировать практическую деятельность в области генетического анализа.

Студент получает оценку «**не зачтено**», если он продемонстрировал незнание основных понятий генетического анализа, не владеет представлениями о месте генетического анализа в системе генетической науки, не знает основные методы генетического анализа, не способен планировать практическую деятельность в области генетического анализа.

4.3. Результаты промежуточной аттестации и уровни сформированности компетенций

При подведении итогов учитываются результаты текущей аттестации.

Особенности проведения процедуры оценивания результатов обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья обозначены в рабочей программе дисциплины (модуля).

«1 уровень» - ознакомление (иметь общее представление, узнавать);

«2 уровень» - понимание учебного материала, излагаемого в учебнике, методической разработке или преподавателем;

«3 уровень» - умение логично, последовательно, достаточно полно и точно излагать изученный материал;

«4 уровень» - творчески использовать полученные знания.

Для удовлетворительной (положительной) оценки знаний требуется минимум 3-й уровень усвоения учебного материала.

Требования (критериальные показатели) к уровню освоения дисциплины

Результат экзамена	Требования к знаниям
Зачтено	Студент владеет основными понятиями генетического анализа, представлениями о месте генетического анализа в системе генетической науки, знает основные методы генетического анализа, способность планировать практическую деятельность в области генетического анализа
Незачтено	Студент продемонстрировал незнание основных понятий генетического анализа, не владеет представлениями о месте генетического анализа в системе генетической науки, не знает основные методы генетического анализа, не способен планировать практическую деятельность в области генетического анализа

**06.03.01 Биология, направленность (профиль) Генетика, ФОС РПД
Методы и объекты генетического анализа, 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 радиационной биологии

Протокол заседания № 7 от 21.02.2025

Заведующий кафедрой согласовано А.В. Аклеев

Автор (составитель) Е.В. Стяжкина

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