

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«Новосибирский национальный исследовательский государственный
университет»
(Новосибирский государственный университет, НГУ)

Факультет естественных наук

УТВЕРЖДАЮ
Декан ФЕН
д.х.н. проф. В.А. Резников

« ____ » _____ 201__ г.

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

по дисциплине

Новейшие молекулярно-генетические технологии

Направление подготовки: 06.04.01 БИОЛОГИЯ, МАГИСТРАТУРА

Кафедра информационной биологии

Новосибирск, 2020

Фонд оценочных средств промежуточной аттестации по дисциплине является **Приложением 2** к рабочей программе дисциплины «**Новейшие молекулярно-генетические технологии**», реализуемой в рамках основной образовательной программы высшего профессионального образования по направлению подготовки: 06.04.01 Биология, магистратура

Фонд оценочных средств промежуточной аттестации по дисциплине утвержден решением ученого совета Факультета естественных наук № _____ от _____.

Разработчик:

д.б.н., доцент кафедры информационной биологии

Меркулова Т.И.

Ответственный за образовательную программу:

доцент кафедры информационной биологии,

доктор биологических наук,

Д.П. Фурман

1. Содержание и порядок проведения промежуточной аттестации по дисциплине

1.1. Общая характеристика содержания промежуточной аттестации

Промежуточная аттестация по дисциплине «**Новейшие молекулярно-генетические технологии**» проводится по завершению периода освоения образовательной программы 1 семестра для оценки сформированности компетенций в части следующих укрупненных характеристик результатов обучения (таблица П1.1).

Таблица П1.1

Код	Компетенции, формируемые в рамках дисциплины « Новейшие молекулярно-генетические технологии »	Семестр 1
		дифференцированны й зачет
ОПК-3 Готовность использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач		
	Знать современные молекулярно-генетические методы, области их применения, преимущества и ограничения, владеть навыками самостоятельного анализа имеющейся информации	+
ОПК-4 Способность применять знание истории и методологии биологических наук для решения фундаментальных профессиональных задач		
	Знать принципы изучения генома, транскриптома и протеома и основные достижения в этой области; - принципы работы используемого оборудования и лабораторных приборов, их возможности и ограничения, уметь ставить задачу научного исследования, решать ее с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работы и достоверность результатов эксперимента	+
ОПК-6 Способность использовать знание основ учения о биосфере, понимание современных биосферных процессов для системной оценки геополитических явлений и прогноза последствий реализации социально значимых проектов		
	Уметь анализировать и интерпретировать существующие литературные данные с учетом ограничений и особенностей использованных методов и подходов	+
ПК-7 Готовность осуществлять проектирование и контроль биотехнологических процессов		
	Знать роль современных биоинформатических методов в первичной обработке полногеномных данных и их	+

	биологической интерпретации, уметь ориентироваться в полногеномных базах данных по нуклеотидным последовательностям и их полиморфизмам, а также полногеномных базах данных по результатам изучения транскриптомов, модификаций ДНК и хроматина, распределению участков связывания регуляторных белков, регуляторных контактов отдаленных областей генома, владеть навыками самостоятельного осуществления проектирования биотехнологических процессов и поиска методов решения практических задач, применения различных методов познания	
--	--	--

Компетенции оцениваются зачетом, который включает в себя вопросы из всех разделов дисциплины **«Новейшие молекулярно-генетические технологии»**:

1.2. Порядок проведения аттестации по дисциплине

По дисциплине «Информационные технологии и языки программирования-1» проводится текущая и промежуточная аттестация.

Текущий контроль успеваемости:

Формой текущего контроля при прохождении дисциплины «Новейшие молекулярно-генетические технологии» является контроль посещаемости лекционных занятий, ответы на вопросы по пройденному материалу.

При прохождении курса «Новейшие молекулярно-генетические технологии» студенты работают по системе ИКИ (индивидуальный кумулятивный индекс). Эта система предусматривает прохождение контрольных точек (посещение лекций, контрольной работы), набранные баллы суммируются, и составлена таким образом, что текущий контроль охватывает все разделы курса.

Промежуточная аттестация:

Промежуточная аттестация по дисциплине **Новейшие молекулярно-генетические технологии** проводится в форме устного зачета.

Для того чтобы быть допущенным к зачету, студент должен выполнить следующее:

- в ходе прохождения дисциплины посетить не менее 50 % занятий;
- ответить на вопросы по пройденному материалу (в начале каждого лекционного занятия).

Правила ИКИ

При прохождении курса «Новейшие молекулярно-генетические технологии» студенты работают по системе ИКИ (индивидуальный кумулятивный индекс). Эта система предусматривает прохождение контрольных точек (посещение лекций, контрольной работы), набранные баллы суммируются, и составлена таким образом, что текущий контроль охватывает все разделы курса.

Максимальные баллы по видам учебной деятельности

1	2	3	4
Семестр	Лекции	Самостоятельная работа	Итого
7	90	60	150

Максимальный балл вычисляется по следующей программе.

Оценка учебной деятельности студента в ходе обучения по программе курса в течение 7 семестра осуществляется в форме начисления определенной суммы баллов в соответствии с результатами текущего контроля по следующим видам учебной деятельности:

Лекции:

Оценивается посещаемость, посещение каждой лекции оценивается в 6 баллов.

Самостоятельная работа

Оценивается качество усвоения материала лекционных занятий. Диапазон оценки от 0 до 4 баллов.

Максимально возможная сумма баллов за все виды учебной деятельности студента за 7 семестр по дисциплине «Новейшие молекулярно-генетические технологии» составляет 150 баллов.

Итоговая оценка за семестр складывается из суммы баллов, набранных в семестре и на зачете. Максимальная сумма баллов в семестре составляет 150 баллов. Устный зачет оценивается в максимально в 50. Таким образом, максимально возможная сумма составляет 200 баллов.

Для того, чтобы быть допущенным к зачету студент должен набрать не менее 90 баллов (60 % из 150 баллов). Допуском к зачету в случае, если 90 баллов не набраны, служит дополнительная контрольная работа, составленная по материалам всего семестра, на которой студент должен набрать не менее 60 % максимально возможных баллов. Эта контрольная работа пишется один раз. Если студент набирает 60 % баллов, он может сдавать зачет, если сумма окажется менее 60 % баллов, то ему выставляется оценка «неудовлетворительно» и итоговая по курсу «незачтено».

При сдаче студентом зачета, баллы за него суммируются с баллами, набранными в семестре, и в зачетку выставляется итоговая оценка за семестр:

Таблица пересчета полученной студентом суммы баллов по дисциплине «Новейшие молекулярно-генетические технологии» в оценку:

200 - 120 баллов и более ($\geq 60\%$)	«удовлетворительно»
119 и менее баллов ($< 60\%$)	«неудовлетворительно»

Оценка «удовлетворительно» соответствует итоговой оценке «зачтено», неудовлетворительно – «незачтено».

2. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины.

Описание критериев оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Новейшие молекулярно-генетические технологии

Код компетенции	Результат обучения по дисциплине	Оценочное средство
ОПК-3	Знание современных молекулярно-генетических методов, области их применения, преимуществ и ограничений.	Зачет

	Владение навыками самостоятельного анализа имеющейся информации	Выступление, зачет
ОПК-4	Знание принципов изучения генома, транскриптома и протеома и основных достижений в этой области	Зачет
	Знание принципов работы используемого оборудования и лабораторных приборов, их возможности и ограничения	Зачет
	Умение ставить задачу научного исследования, решать ее с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работы и достоверность результатов эксперимента	Зачет
ОПК-6	Умение анализировать и интерпретировать существующие литературные данные с учетом ограничений и особенностей использованных методов и подходов	Зачет
ПК-7	Знание роли современных биоинформатических методов в первичной обработке полногеномных данных и в их биологической интерпретации	Зачет
	Умение ориентироваться в полногеномных базах данных по нуклеотидным последовательностям и их полиморфизмам, а также полногеномных базах данных по результатам изучения транскриптомов, модификаций ДНК и хроматина, распределению участков связывания регуляторных белков, регуляторных контактов отдаленных областей генома	Зачет
	Владение навыками проектирования биотехнологических процессов и поиска методов решения практических задач, применения различных методов познания	Выступления, зачет

Описание шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Новейшие молекулярно-генетические технологии

Критерии оценивания результатов обучения	Шкала оценивания
<u>Выступления:</u> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – неполнота реализации выбора методов анализа и их интерпретации, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – осмысленность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий, при наличии	Удовлетворительно

незначительных ошибок, <u>Зачет:</u> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в объяснении отдельных положений, а также при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок.	
<u>Выступления:</u> – отсутствие теоретического и фактического материала, подкрепленного ссылками на научную литературу и источники, – отсутствие анализа примененных методов и их интерпретации, – непонимание причинно-следственных связей, – компилятивное, неосмысленное, нелогичное и неаргументированное изложение материала, – грубые ошибки в применении терминов и понятий, – фрагментарность раскрытия – неподготовленность выступлений на основе предварительного изучения литературы по темам, неучастие в коллективных обсуждениях в ходе занятия. <u>Зачет:</u> – фрагментарное и недостаточное представление теоретического и фактического материала, не подкрепленное ссылками на научную литературу и источники, – непонимание причинно-следственных связей, – отсутствие осмысленности, структурированности, логичности и аргументированности в изложении материала, – грубые ошибки в применении терминов и понятий, – отсутствие ответов на дополнительные вопросы.	<i>Неудовлетворительно</i>

2.1. Критерии выставления оценок по результатам промежуточной аттестации по дисциплине

Результаты промежуточной аттестации по «Новейшие молекулярно-генетические технологии» в 1 семестре определяются оценками «зачтено» и «незачтено». Оценка «зачтено» означает успешное прохождение промежуточной аттестации и сформированности компетенций.

Оценка «незачтено» выставляется, если компетенция не сформирована.

2.2.. Типовые контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения по дисциплине

Перечень вопросов для текущего контроля по курсу «Новейшие молекулярно-генетические технологии»

1. Каковы цели секвенирования геномов позвоночных?

2. Каковы цели секвенирования геномов прокариот?
3. Что дает секвенирование полного генома человека для биологии и медицины?
4. Для чего нужны автоматические секвенаторы?
5. Для чего необходимо изучение полиморфизма нуклеотидных последовательностей?
6. Что такое регуляторные SNP и каковы методы их выявления и анализа?
7. Какими методами изучается экспрессия индивидуальных генов?
8. Каковы преимущества изучения транскрипции генов методом Real-Time PCR?
9. Какие существуют методы массового изучения транскрипции генов?
10. Какие существуют методы идентификации стартов транскрипции генов?
11. Для чего нужны методы массового выявления сайтов связывания транскрипционных факторов?
12. Какие экспериментальные подходы используются для поиска и идентификации сайтов связывания транскрипционных факторов?
13. Какие экспериментальные подходы используются для поиска регуляторных районов генов?
14. Что дает метод иммунопреципитации хроматина?
15. Какие экспериментальные подходы используются для исследования протеома эукариотических клеток?
16. Содержание проекта ENCODE и его общебиологическое значение

Перечень теоретических вопросов к зачету по курсу «Новейшие молекулярно-генетические технологии»

1. История развития методов исследования ДНК.
2. Базы данных нуклеотидных последовательностей, белков, мутаций, SNPs, наследственных заболеваний человека.
3. Регуляторные SNPs: Классификация, функциональная значимость, методы поиска.
4. Методы изучения транскрипции генов.
5. Исследование профилей экспрессии генов с помощью массового параллельного секвенирования, биоинформатическая обработка.
6. Методы выявления промоторов и стартов транскрипции.
7. Отдаленные регуляторные районы. Их классификация и организация.
8. Сайты связывания факторов транскрипции.
9. Методы массового анализа регуляторных районов.
10. Методы изучения отдаленных контактов.
11. Методы изучения структуры белков.
12. Современные методы микроскопического анализа
13. Каковы цели секвенирования геномов позвоночных?
14. Каковы цели секвенирования геномов прокариот?
15. Что дает секвенирование полного генома человека для биологии и медицины?
16. Для чего нужны автоматические секвенаторы?
17. Для чего необходимо изучение полиморфизма нуклеотидных последовательностей?
18. Что такое регуляторные SNP и каковы методы их выявления и анализа?
19. Какими методами изучается экспрессия индивидуальных генов?
20. Каковы преимущества изучения транскрипции генов методом Real-Time PCR?
21. Какие существуют методы массового изучения транскрипции генов?
22. Какие существуют методы идентификации стартов транскрипции генов?

23. Для чего нужны методы массового выявления сайтов связывания транскрипционных факторов?
24. Какие экспериментальные подходы используются для поиска и идентификации сайтов связывания транскрипционных факторов?
25. Какие экспериментальные подходы используются для поиска регуляторных районов генов?
26. Что дает метод иммунопреципитации хроматина?
27. Какие экспериментальные подходы используются для исследования протеома эукариотических клеток?
28. Содержание проекта ENCODE и его общебиологическое значение