

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

**Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II:
регуляторные геномные последовательности**

Направление подготовки: 06.04.01 Биология

Квалификация: магистр

Форма обучения: очная

Новосибирск 2020

Фонд оценочных средств промежуточной аттестации по дисциплине является **Приложением 2** к рабочей программе дисциплины «**Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II: регуляторные геномные последовательности**», 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 _____.

Разработчики:

к.б.н., доцент кафедры информационной биологии

Игнатьева Е.В.

Ответственный за образовательную программу:

Доцент кафедры информационной биологии,

доктор биологических наук,

Д.П. Фурман

1. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II: регуляторные геномные последовательности»

общефессиональные компетенции:

- *готовностью использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач (ОПК-3);*
- *способностью применять знание истории и методологии биологических наук для решения фундаментальных профессиональных задач (ОПК-5);*
- *готовностью творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач (ОПК-7).*

В результате освоения дисциплины обучающийся должен:

- знать задачи современной молекулярной биологии и генетики, решаемые методами биоинформатики;
- знать основные понятия молекулярной биологии, а также отношения между ними,
- знать основные классы белков, регулирующих транскрипцию и трансляцию,
- знать основные особенности и закономерности строения регуляторных районов, контролирующих транскрипцию и трансляцию генов эукариот,
- знать особенности регуляции транскрипции и трансляции у эукариот
- знать современное состояние баз данных по регуляции транскрипции и трансляции
- уметь оценивать полезность и выбирать информационные ресурсы, содержащие необходимые для анализа данные,
- уметь конструировать простые и сложные запросы к базам данных с целью получения необходимой информации в наиболее удобном для дальнейшего использования формате;
- уметь использовать теоретические основы для ведения разных форм дискуссий
- владеть навыками анализа особенностей структурной организации регуляторных районов генов, предсказание их функциональной активности,
- владеть навыками построения моделей функционирования транскрипционных и трансляционных регуляторных комплексов;
- владеть навыками интерпретации полученных результатов в контексте задач, поставленных на начальных этапах исследования
- владеть методами теоретического компьютерного анализа данных по теме исследования с помощью стандартных Интернет-доступных программ;
- владеть навыками, направленными на исследование закономерностей организации и механизмов генетического контроля функционирования живых систем.

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

2.1. Правила ИКИ

При прохождении курса «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II: регуляторные геномные последовательности» студенты работают по системе ИКИ (индивидуальный кумулятивный индекс). Эта система предусматривает прохождение контрольных точек (посещение лекций, выполнение практических заданий, контрольной работы),

набранные баллы суммируются, и составлена таким образом, что текущий контроль охватывает все разделы курса.

Максимальные баллы по видам учебной деятельности

Таблица 2.1.1

1	2	4	5	8	9
Семестр	Лекции	Практические задания	Самостоятельная работа	Промежуточная аттестация (контрольная работа)	Итого
1	180	80	40	60	360

Максимальный балл вычисляется по следующей программе.

Лекции:

Оценивается посещаемость, посещение каждой лекции оценивается в 20 баллов.

Практические задания:

Оценивается правильность выполнения заданий. Правильно выполненное задание всего практического занятия оценивается в 40 баллов.

Самостоятельная работа

Оценивается качество выполненных домашних работ, грамотность в оформлении. Диапазон оценки от 0 до 40.

Промежуточная аттестация представляет собой письменную контрольную работу по вопросам к курсу лекций. Задание включает три вопроса. За ответ на каждый вопрос выставляются баллы (от 0 до 20). Таким образом, максимальная сумма баллов за письменную контрольную работу составляет 60 баллов.

Максимально возможная сумма баллов за все виды учебной деятельности студента за 1 семестр по дисциплине «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II: регуляторные геномные последовательности» составляет 360 баллов.

Таблица пересчета полученной студентом суммы баллов по дисциплине «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II: регуляторные геномные последовательности» в оценку

Таблица 2.1.2

290 баллов и более ($\geq 80\%$)	«отлично»
250-289 баллов ($\geq 70\%$)	«хорошо»
220 – 249 баллов ($\geq 60\%$)	«удовлетворительно»
219 и менее баллов ($< 60\%$)	«неудовлетворительно»

При получении оценок «отлично», «хорошо» или «удовлетворительно» выставляется итоговая оценка «зачтено».

2.2. Примеры вариантов контрольных работ

Вариант 1:

1. Транскрипция – ключевой этап экспрессии гена, функции РНК-полимеразы, основные этапы транскрипции.
2. Базальные транскрипционные факторы. Базальный транскрипционный комплекс, модели его формирования.
3. Базы данных по регуляции транскрипции. Охарактеризовать подробно одну из известных баз.

Вариант 2:

1. Транскрипция у прокариот, характеристика основных регуляторных белков и регуляторных последовательностей.
2. Регуляторные элементы и регуляторные единицы (районы), контролирующие транскрипцию генов эукариот.
3. Метод локального множественного выравнивания регуляторных последовательностей на примере программы CONSENSUS

Вариант 3:

1. Особенности транскрипции у эукариот.
2. Транскрипционный цикл, осуществляемый РНК-полимеразой II. Роль С-концевого домена РНК-полимеразы II в транскрипционном цикле
3. Характеристика базы TRRD. Типы данных, аккумулированных в TRRD, возможности поиска данных.

Вариант 4:

1. Типы РНК-полимераз.
2. Основные классы белков, регулирующих транскрипцию эукариот, и их краткая характеристика.
3. Метод консенсуса и матричные методы описания и распознавания сайтов связывания транскрипционных факторов

Вариант 5:

1. Субъединичный состав РНК-полимераз эукариот. Доменная организация РНК-полимеразы II и роль доменов в реализации функции РНК-полимеразы.
2. Транскрипционные факторы, их классификация, пути активации.
3. Перечислите основные методы распознавания промоторов и опишите один из них.

2.3. Перечень теоретических вопросов к зачету по курсу «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем II: регуляторные геномные последовательности».

1. Транскрипция – ключевой этап экспрессии гена, функции РНК-полимеразы, основные этапы транскрипции.
2. Транскрипция у прокариот, характеристика основных регуляторных белков и регуляторных последовательностей.
3. Особенности транскрипции у эукариот. Типы РНК-полимераз.
4. Субъединичный состав РНК-полимераз эукариот. Доменная организация РНК-полимеразы II и роль доменов в реализации функции РНК-полимеразы.
5. Транскрипционный цикл, осуществляемый РНК-полимеразой II. Роль С-концевого домена РНК-полимеразы II в транскрипционном цикле.

6. Основные классы белков, регулирующих транскрипцию эукариот, и их краткая характеристика.
7. Базальные транскрипционные факторы. Базальный транскрипционный комплекс, модели его формирования.
8. Регуляторные элементы и регуляторные единицы (районы), контролирующие транскрипцию генов эукариот.
9. Транскрипционные факторы, их классификация, пути активации.
10. Влияние нуклеосомной укладки ДНК на интенсивность транскрипции. Механизм регуляции плотности нуклеосомной укладки при участии транскрипционных факторов.
11. Модификации хроматина, влияющие на интенсивность транскрипции генов эукариот.
12. Локус-контролирующие районы, MAR и инсуляторы, их влияние на транскрипцию.
13. Базы данных по регуляции транскрипции. Охарактеризовать подробно одну из известных баз.
14. Характеристика базы TRRD. Типы данных, аккумулированных в TRRD, возможности поиска данных.
15. Чем определяется различие конформационных параметров между динуклеотидами?
16. Каким образом принято описывать взаимное расположение пар нуклеотидов относительно друг друга? Связь между системой координат и основными конформационными параметрами.
17. Классификация ДНК-связывающих доменов транскрипционных факторов. Опишите суперклассы ДСД.
18. Правило Калладина.
19. Сигналы посттранскрипционного контроля экспрессии. Описать базу данных TRSIG.
20. Описать различия между основными механизмами инициации трансляции эукариотических мРНК.
21. Оценка качества работы программ предсказания сайтов связывания.
22. Метод реализаций.
23. Метод Gibbs sampler.
24. Метод локального множественного выравнивания регуляторных последовательностей на примере программы CONSENSUS.
25. Метод к-плетов.
26. Метод консенсуса и матричные методы описания и распознавания сайтов связывания транскрипционных факторов.
27. Метод весовой матрицы и ее использование для распознавания промоторов.
28. Что такое коровый промотор и какова его локализация?
29. Структура промотора эукариот и его основные элементы.
30. Перечислите основные методы распознавания промоторов и опишите один из них.
31. Какие подходы используются для распознавания промоторов, их достоинства и недостатки.