

ПОЛОЖЕНИЕ
об областных командных соревнованиях по генетическим
информационным технологиям
" Genetic information technology (IT GEN) "
(далее-Соревнования)

1. Общие положения

Современная наука продолжает развиваться по пути интеграции ключевых направлений и создание новых междисциплинарных дисциплин. Такой наукой является и IT-генетика, она занимается созданием и анализом генетических баз данных, которые являются необходимым инструментарием в совершенно разных отраслях человеческой деятельности. Если мы заглянем в атлас новых профессий (<http://atlas100.ru/>), то увидим, что знания, умения и навыки цифровой генетики требуются для успешной работы таких специалистов как:

- Агроинформатик/агрокибернетик;
- ГМО- агроном
- Генетический консультант;
- IT- генетик;
- Клинический биоинформатик;
- Космобиолог;
- Архитектор живых систем.

Учитывая, что новые специалисты должны появиться к 2035 году, то готовить детей нужно уже сегодня, т.к. именно знания современной школы станут базой для перехода к новым профессиям.

Задания Соревнований позволят обучающимся получить и углубить знания об основных законах и понятиях генетики, разобраться в деталях организации и функционировании генетического аппарата, освоить основные генетические информационные базы данных и программное обеспечение.

Организаторами соревнований являются:

- Учебно-научная лаборатория биотехнологии, генетики и физиологии растений «Агрокуб» МАОУ Бутурлинской СОШ им В. И. Казакова.
- ФГБОУ ВО Нижегородская ГСХА

2. Цель и задачи Соревнований

Цель – развитие интереса к генетическим информационным технологиям и знакомство с его инструментальной базой.

Задачи:

- способствовать повышению информационной готовности школьников к выбору профессий, связанных с информационными технологиями и биологией;
- создать условия для развития уверенных навыков работы в команде;
- формирование у обучающихся умения логически мыслить, анализировать и решать информационно-генетические задачи.

3. Участники Соревнований

К участию в соревнованиях приглашаются команды учащихся общеобразовательных учреждений, учреждений дополнительного образования и средних специальных учреждений в количестве 3-6 человек, выполняющие задания под руководством наставника(-ов). Рекомендуется формировать команды следующим образом: часть обучающихся должны являться специалистами в сфере информационных технологий, а часть- в сфере биологии. Наставниками команд рекомендуется определить учителей информатики, биологии, педагогов дополнительного образования. Количество наставников одной команды- от 1 до 3 человек. Возраст участников -от 14 до 18 лет.

4. Содержание заданий Соревнований

Команды представляют решения заданий в виде документов в формате Microsoft Word. Титульный лист каждого документа должен содержать следующие данные: фамилии, имена, отчества и даты рождения всех авторов, фамилию, имя и отчество наставника(-ов) команды, полное название и адрес образовательной организации, контактный телефон, e-mail.

Технические требования к документу: количество страниц – не регламентировано, формат файла – doc. Исполняемый файл должен работать в среде операционной системы WindowsXP.

Задания для Соревнований состоят из 3-х частей. Первое задание маркерное, основной целью которого является освоение рабочего инструмента для решения последующих задач (приложение 1). Второе задание – составление собственного задания и выполнение его решения, опираясь на маркерное задание (приложение 2). Третье задание команды получают в день очного этапа.

5. Порядок и сроки проведения Соревнований

5.1. Соревнования проводятся в три этапа:

- отборочный;
- полуфинал;
- очный (финал).

5.2. **I этап (отборочный).** Срок: с 01.12.2019 по 20.12.2019. Проходит заочно.

Для участия в Соревнованиях команда под руководством наставника(-ов) в срок до **20 декабря 2019 года** регистрирует и отправляет заявку по ссылке https://docs.google.com/forms/d/1wS9tJXz7Ti2nISdd1XkO3-jllFXyqn9IZt4n72n-wiY/viewform?edit_requested=true На электронную почту buturlinoschool@mail.ru (Учебно-научная лаборатория биотехнологии, генетики и физиологии растений «Агрокуб» МАОУ Бутурлинской СОШ им В. И. Казакова) команда направляет документ с решённым маркерным заданием (ПРИЛОЖЕНИЕ 1, 2 к положению об областных командных соревнованиях по генетическим информационным технологиям " Genetic information technology (IT GEN)") (тема письма – "IT GEN").

По итогам экспертной оценки содержания представленных работ формируется состав участников II этапа команд. В срок до 25 декабря 2019 года в адрес образовательных организаций, команды которых прошли отборочный этап, направляется приглашение для участия во II этапе Соревнований.

5.3. II этап (полуфинал). Срок с 25.12.2019 по 20.01.2020. Проходит заочно.

Используя маркерное задание, участники команд должны составить схожую задачу и решить её (подробнее в приложении 5). Задание оформляется и направляется аналогичным образом, как в п.п. 5.2.

5.4. III этап (финал): 24 и 25 января 2020 года. Проходит на 2-х площадках: на базе НГСХА 24.01.2020, на базе научно-учебной лаборатории биотехнологии, генетики и физиологии растений «Агрокуб» МАОУ Бутурлинской СОШ им. В.И. Казакова 25.01.2020.

Участники самостоятельно выбирают площадку для прохождения очного этапа. На данном этапе команды решают задачи, предложенные организаторами. Задания заранее не известны и выдаются в день очного этапа.

Все действия участников команды оценивает жюри. Победителем становится команда, набравшая наибольшее количество баллов в ходе финала Соревнований. Решение оформляется протоколом, который подписывают все члены жюри.

Решение жюри обжалованию не подлежит. Работы оценивают специалисты в области информационных технологий и биологии, имеющие опыт работы в данных сферах, прошедшие курсы повышения квалификации и имеющие соответствующие научные публикации.

6. Критерии оценки

Работа команд оценивается суммарно за все три этапа:

- отборочный этап, максимально 20 баллов,
- полуфинал, максимально 30 баллов,
- очный (финал), максимально 50 баллов.

Основные критерии оценивания:

- полнота выполненной работы;
- степень проработанности рекомендованного материала;
- наличие и уровень анализа полученных данных;
- степень вовлечения всех участников команды в работу, распределение обязанностей;

- наличие теоретической базы и основных источников информации;
- качество оформления работы, наличие и качество наглядного материала.

На полуфиналы и финал Соревнований приглашаются команды, набравшие не менее 1/3 баллов от максимально возможных.

7. Подведение итогов и награждение

По итогам Соревнований награждаются:

- Команды, набравшие наибольшее количество баллов, становятся победителями (не менее 70);
- Команды, набравшие среднее количество баллов (40 – 69) - призёрами;
- Команды, набравшие менее 40 баллов- участниками.

Дипломы победителей, призёров или участников получает команда в целом и каждый участник отдельно.

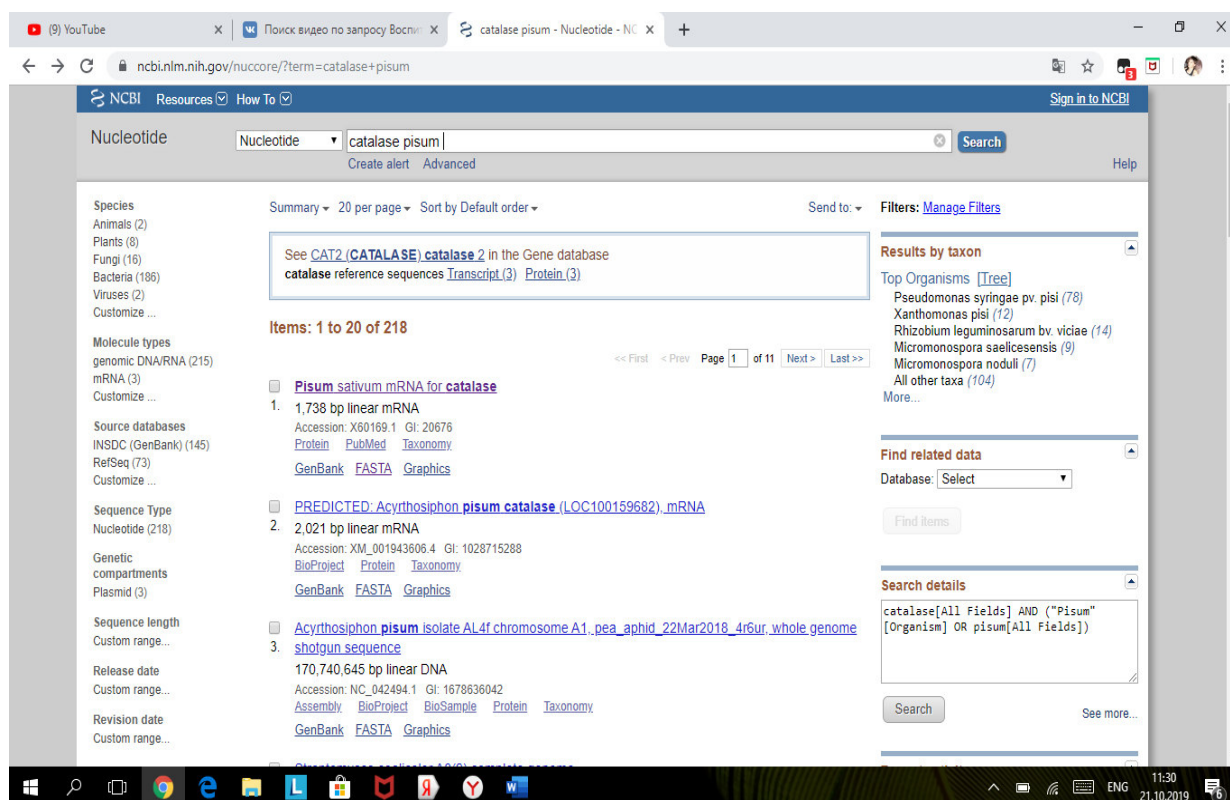
Всем командам, приславшим работы, соответствующие условиям конкурса, выдаются сертификаты участника Соревнований.

ПРИЛОЖЕНИЕ 1 к положению об областных командных соревнованиях по генетическим информационным технологиям " Genetic information technology (IT GEN)."

Маркерное задание

Построить филогенетическое древо по гену каталазы видов наиболее крупных таксонов растений.

Для этого нужно взять наиболее типичные виды из каждой систематической группы, в системе “Nucleotide” базы данных <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> , ввести английское название каталазы и латинское название интересующего вас рода или вида. Например “Catalase Pisum”. Используйте виды, приведённые в конце задания. Вы увидите следующую картину:



Выбираете любую ссылку, где есть слова Catalase и Pisum, на рис. подойдет ссылка под номером 1. Перейдя по ссылке, вы увидите всю основную информацию о гене, его нуклеотидную последовательность и РНК, которую он кодирует, участок который соответствует аминокислотной

последовательности белка (CDS) и сам белок.

Для построения филогенетического дерева используйте файлы с аминокислотной последовательностью. Для этого необходимо нажать на кнопку: /protein_id="CAA42736.1". Вы перейдете в раздел «Protein»

Вам необходимо выбрать FASTA файл, нажав на соответствующую

кнопку. Перейдя в раздел FASTA, вы копируете всю аминокислотную последовательность белка включая верхнюю строчку.

>CAA42736.1 catalase [Pisum sativum]

```
MDPYKHRPSSAFNSPFWTTNSGAPVWNNNSSLTVGSRGPILLEDYHNLVEK
LAQFDRERIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGVQTPVIV
RFSTVIHERGSPETLRDPRGFAVKFYTREGNYDLVGNFNPVFFVHDGMNFP
DMVHALKPNPQTHIQENWRILDFFYNFPESLHMFSFLFDDVGVPQDYRHM
DGFGVNTYTLINKAGKSVYVKFHWKPTCGVKCLLEEEAIQVGGSNHSHAT
KDLYDSIAAGNYPEWKLYIQITIDPAHEDRFEDPLDVTCTWPEDIPLQPVG
RMVLNKNIDNFFAENEQLAFCPAIMLPGIYYSDDKMLQTRVFSYADSQRH
RLGPNYLQLPVNAPKWSHHNNHHEGFMNAIHRDEEVNYFPSRHDTVRHA
ERVPIPTTHLSARREKCNIPKQNHFKQAGERYRTWAPDRQERFLRRWVEA
LSDTDPRITHEIRSIWVSYSQADRSLGQKLASHLNMPSI
```

Данную последовательность можете вставить в вордовский документ или блокнот, туда же последовательно вставляете все FASTA файлы всех растений через enter. Накопив нужное число файлов, копируете их все и вставляете в программу выравнивания: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/> перейдя по ссылке. Далее нажимаете кнопку выровнять (SUBMIT), немного подождите и вы получите выравненный файл аминокислотных последовательностей белка каталаза

Повиск видео по запросу Воспит... x catalase [Brassica oleracea] - Pro... x Results < MUSCLE < Multiple Se... x капуста белокочанная — Янде... x +

← → ebi.ac.uk/Tools/services/web/toolresult.ebi?jobid=muscle-I20191021-104909-0781-25861474-p2m

MUSCLE

Input form | Web services | Help & Documentation | Bioinformatics Tools FAQ | Feedback | Share

Tools > Multiple Sequence Alignment > MUSCLE

Results for job muscle-I20191021-104909-0781-25861474-p2m

Alignments | Result Summary | Phylogenetic Tree | Results Viewers | Submission Details

Download Alignment File | Show Colors

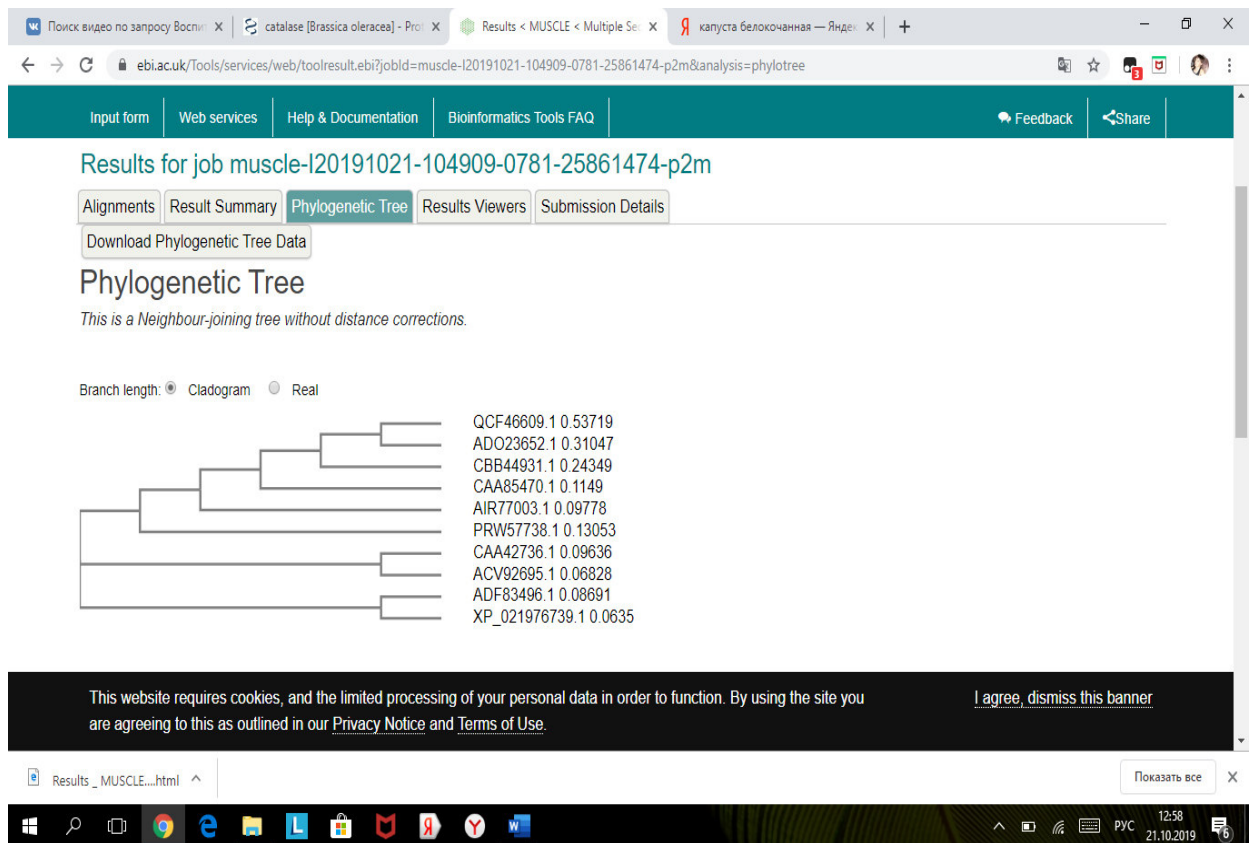
CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)

```
QCF46609.1 -----
AD023652.1 HTIAGRRLLNTAAAAAVVAAATAAAGHPGSPHAEGPYTSEFGLVGDORITLSAGPRGP
CBB44931.1 -----
CAA85470.1 -----DPSKYRPSAYDTPFLTTNAGGPVYNNVSSLTVGPRGP
PRU57738.1 -----MDPAKYRPSAIFNSPHITTINGAPVWNNISLTVGVGGP
AIR77003.1 -----
CAA42736.1 -----MDPYKHRPSSAFNSPFWTTNSGAPVWNNNSSLTVGSRGP
ADF83496.1 -----MDPYKRPSSSFIAPIHNSGAPVWNNISLTVGSRGP
XP_021976739.1 -----MDPYKRSSSAIYKPAITTINGAPVWNNISLTVGSRGP
ACV92695.1 -----MDPYKYPASSYNSPFFTNSGAPVWNNISLTVGPRGP

QCF46609.1 -----MAVISFIAGSSL----
AD023652.1 QLVQDTRAFELKARFIRERIPERVVHARGTGAHGVFESYGDQSALTRAGFLGGAGRKTEV
CBB44931.1 -----
CAA85470.1 VLLDYVLLIEKLATFOREKIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGAQTPV
PRU57738.1 ILLEDYQLVEKLAIIFORERIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGVQTPV
AIR77003.1 -----LLEKVEHARERIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGVQTPV
CAA42736.1 ILLEDYHVLVEKLAQFORERIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGVQTPV
ADF83496.1 ILLEDYHVLVEKLAQFORERIPERVVHARGATAGKFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGVQTPV
XP_021976739.1 ILLEDYHVLVEKLAQFORERIPERVVHARGATAGKFFEVDTHDISHLTCADFLRAPGVQTPV
ACV92695.1 -----
```

This website requires cookies, and the limited processing of your personal data in order to function. By using the site you are agreeing to this as outlined in our [Privacy Notice](#) and [Terms of Use](#). [I agree, dismiss this banner](#)

Далее вам нужно нажать кнопку: Phylogenetic Tree, после чего вы получите файл.



Сделайте скриншот, сохраните его в Point, вместо номеров псbi, подпишите название отдела или семейства, которым оно соответствует, используйте для этого ваш вордовый файл с FASTA файлами. Сопоставьте результаты полученного дерева с классическим филогенетическим деревом, сделайте выводы.

Основные таксоны и виды, которые можно использовать для построения филогенетического дерева:

1. Отдел Зелёные водоросли [*Chlorella sorokiniana*];
2. Отдел Красные водоросли [*Pyropia yezoensis*];
3. Отдел Моховидные [*Pohlia nutans*];
4. Отдел Голосеменные [*Pinus Sylvestris*];
5. Отдел Цветковые
 - 5.1 Класс однодольные
 - 5.1.1 Семейство Злаки [*Triticum aestivum*]
 - 5.1.2 Семейство Лилейные [*Lilium longiflorum*]
 - 5.2 Класс двудольные
 - 5.2.1 Семейство Бобовые [*Pisum sativum*];
 - 5.2.2 Семейство Паслёновые [*Solanum tuberosum*];
 - 5.2.3 Семейство Сложноцветные [*Helianthus annuus*];
 - 5.2.4 Семейство Крестоцветные [*Brassica oleracea*].

ПРИЛОЖЕНИЕ 2 к положению об
областных командных соревнованиях
по генетическим информационным
технологиям " Genetic information
technology (IT GEN)."

Задание 2

Используя маркерное задание, составьте собственное задание и решите его. Необходимо, чтобы главным условием задания являлось составление филогенетического древа по любому гену любого царства (растений, животных, грибов, бактерий или архей). Используя не менее 10 видов из разных отделов или типов, охватив максимальное количество отделов или типов.