

«Утверждаю»:

Директор МАОУ

Бутурлинской СОШ

имени В.И. Казакова

Ю.А.Зуйкова

«_____» _____ 2021г.



ПОЛОЖЕНИЕ

**о межрегиональных командных соревнованиях по генетическим информационным технологиям "Genetic information technology (ITGEN)"
(далее - Соревнования)**

1. Общие положения

Современная наука продолжает развиваться по пути интеграции ключевых направлений и создания новых междисциплинарных дисциплин. Наукой, отвечающей данным требованиям, безусловно, является ИТ 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;
- ИТ 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 современные школьники будут 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 функционирования генетического аппарата, освоить основные генетические информационные базы данных и программное обеспечение.

2. Цель и задачи

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

Задачи:

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

3. Участники Соревнований

3.1 В Соревнованиях принимают участие команды обучающихся образовательных организаций Нижегородской области. Количество участников команды от 3 до 6 человек. Количество наставников одной команды от 1 до 3 человек. Возраст участников от 14 до 18 лет.

3.2 Команды, которые в полном составе были признаны победителями или призёрами прошлого года, приглашаются к финалу без отборочного и полуфинального этапов. Команды, в состав которых входит хотя бы один участник – победитель или призёр прошлого года, могут принять участие, начиная сразу с полуфинального этапа, при этом представляемое решение задания второго этапа должно отличаться от такового прошлого года.

Для участия в Соревнованиях команды, указанные в п.п. 3.2, направляют пакет документов в соответствии с п.п. 5.2, за исключением Приложения 5, указывая в заявке, рядом с ФИО участника, в скобках (победитель 2020) или (призёр 2020).

4. Содержание Соревнований

Команды представляют решения заданий в виде документов в формате MicrosoftWord. Титульный лист каждого документа должен содержать фамилии, имена, отчества и даты рождения всех авторов, фамилию, имя и

отчество наставника 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 5). Второе задание – составление собственного задания и его решение, опираясь на маркерное задание (Приложение 6). Третье задание заранее неизвестно, его команды получают в день очного этапа.

5. Порядок и сроки проведения Соревнований

5.1. Турнир проводится в три этапа:

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

5.2. I этап (отборочный). Срок: с **26.04.2021** по **07.05.2021**. Проходит заочно.

Для участия в Соревнованиях команда под руководством наставника(ов) в срок **до 7 мая 2021 года** направляет на электронную почту agrocub@mail.ru (Научно-учебная лаборатория биотехнологии, генетики и физиологии растений «Агрокуб» МАОУ Бутурлинская СОШ им В. И. Казакова) заявку (Приложение 1), согласие на обработку персональных данных (Приложение 2,3), согласие на некоммерческое использование конкурсных работ (Приложение 4) и документ с решённым маркерным заданием (Приложение 5) (тема письма – "IT GEN").

По итогам экспертной оценки содержания представленных работ формируется состав команд, участников II этапа. В срок до 15 февраля 2021 года в адрес образовательных организаций, команды которых прошли отборочный этап, направляется приглашение для участия во II этапе Соревнований.

5.3. II этап (полуфинал) проходит заочно. Срок с **11.05.2021** по **19.05.2021**.

Используя маркерное задание, участники команд должны составить схожую задачу и решить её (подробнее в Приложении 6). Задание оформляется и направляется аналогичным образом, как в п.п. 5.1.

5.4. III этап (финал): 26.05.2021 года. Может проходить на 2-х площадках: на базе научно-учебной лаборатории биотехнологии, генетики и физиологии растений «Агрокуб» МАОУ Бутурлинская СОШ им. В.И. Казакова и на базе ФГБОУ ВО Нижегородская ГСХА, или дистанционно. Количество площадок, формат и точная дата проведения устанавливается организаторами Соревнований, о чём участники Соревнований будут уведомлены заблаговременно.

В случае решения о проведении финального этапа на двух площадках, участники Соревнований самостоятельно выбирают площадку для прохождения очного этапа. На данном этапе команды решают задачи, предложенные организаторами. Задания заранее неизвестны и выдаются в день очного этапа.

5.5 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.

5.6 Решение жюри может быть обжаловано путём направления апелляции в администрацию одного из учреждений – организаторов Соревнований через организационный комитет Соревнований в течение 10 календарных дней со дня объявления итогов Соревнований.

6. Критерии оценки

6.1 Работа команд оценивается суммарно за все три этапа:

- отборочный этап, максимально 10 баллов,
- полуфинал, максимально 15 баллов,
- очный (финал), максимально 75 баллов.

6.2 Команды, прошедшие в финал автоматически, получают 25 баллов за отборочный и полуфинальный этап. Команды, принимающие участие с полуфинального этапа, получают 10 баллов за отборочный этап.

6.3 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.

6.4 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 участников Соревнований.

Заявка
на участие в межрегиональных командных соревнованиях по
генетическим информационным технологиям " Genetic information
technology (ITGEN)"

(полное наименование образовательного учреждения)

№	Ф.И.О. участников команды (полностью)	Дата рождения (полностью), класс	Ф.И.О. наставника(ов) (полностью), должность	Контактный телефон руководителя, e-mail

Руководитель ОУ

Подпись

Расшифровка

Согласие на обработку персональных данных несовершеннолетнего

Я, _____,
(фамилия, имя, отчество - мать, отец, опекун и т.д.)
проживающий (ая) по адресу _____
место регистрации _____
наименование документа, удостоверяющего личность: _____, серия
_____ номер _____ выдан _____
дата выдачи _____, выражаю свое согласие на обработку
персональных данных _____,
(фамилия, имя, отчество, дата рождения несовершеннолетнего), чьим законным
представителем я являюсь, а также моих следующих персональных данных:
фамилия, имя, отчество, год, месяц, дата, место рождения, адрес регистрации,
паспортные данные (далее - персональные данные) ФГБОУ ВО Нижегородская
ГСХА (далее Академия) и МАОУ Бутурлинская СОШ им. В.И. Казакова (далее
– Школа) для оформления всех необходимых документов, требующихся в
процессе проведения межрегиональных командных соревнований по
генетическим информационным технологиям " Genetic information technology
(IT GEN)" (далее - Соревнования), а также последующих мероприятий,
сопряженных с Соревнованиями с учетом действующего законодательства.

Я оставляю за собой право в случае неправомерного использования
предоставленных моих и персональных данных личности, официальным
представителем которой я являюсь, согласие отозвать, предоставив в адрес
Академии или Школы письменное заявление.

дата

_____/_____
подпись законного представителя несовершеннолетнего
фамилия, имя, отчество

Согласие на обработку персональных данных совершеннолетнего

Я, _____,
(фамилия, имя, отчество совершеннолетнего.)
проживающий (ая) по адресу _____
место регистрации _____
наименование документа, удостоверяющего личность: _____, серия
_____ номер _____ выдан _____
дата выдачи _____, выражаю свое согласие на обработку моих
персональных данных: фамилия, имя, отчество, год, месяц, дата, место
рождения, адрес регистрации, паспортные данные (далее - персональные
данные) ФГБОУ ВО Нижегородская ГСХА (далее – Академия), МАОУ
Бутурлинская СОШ имени В.И.Казакова (далее - Школа) для оформления всех
необходимых документов, требующихся в процессе проведения
межрегиональных командных соревнований по генетическим информационным
технологиям "Genetic information technology (IT GEN)" (далее - Соревнования),
а также последующих мероприятий, сопряженных с Соревнованиями, с учетом
действующего законодательства.

Я оставляю за собой право в случае неправомерного использования моих
персональных данных, согласие отозвать, предоставив в адрес Академии или
Школы письменное заявление.

дата

/ _____ /
подпись совершеннолетнего

Согласие на некоммерческое использование конкурсных работ

Я, (ФИО) _____

согласен (согласна) на некоммерческое использование моей работы (работы
моего сына (дочери)

ФИО _____,

участника межрегиональных командных соревнований по генетическим
информационным технологиям" Genetic information technology (IT GEN)."

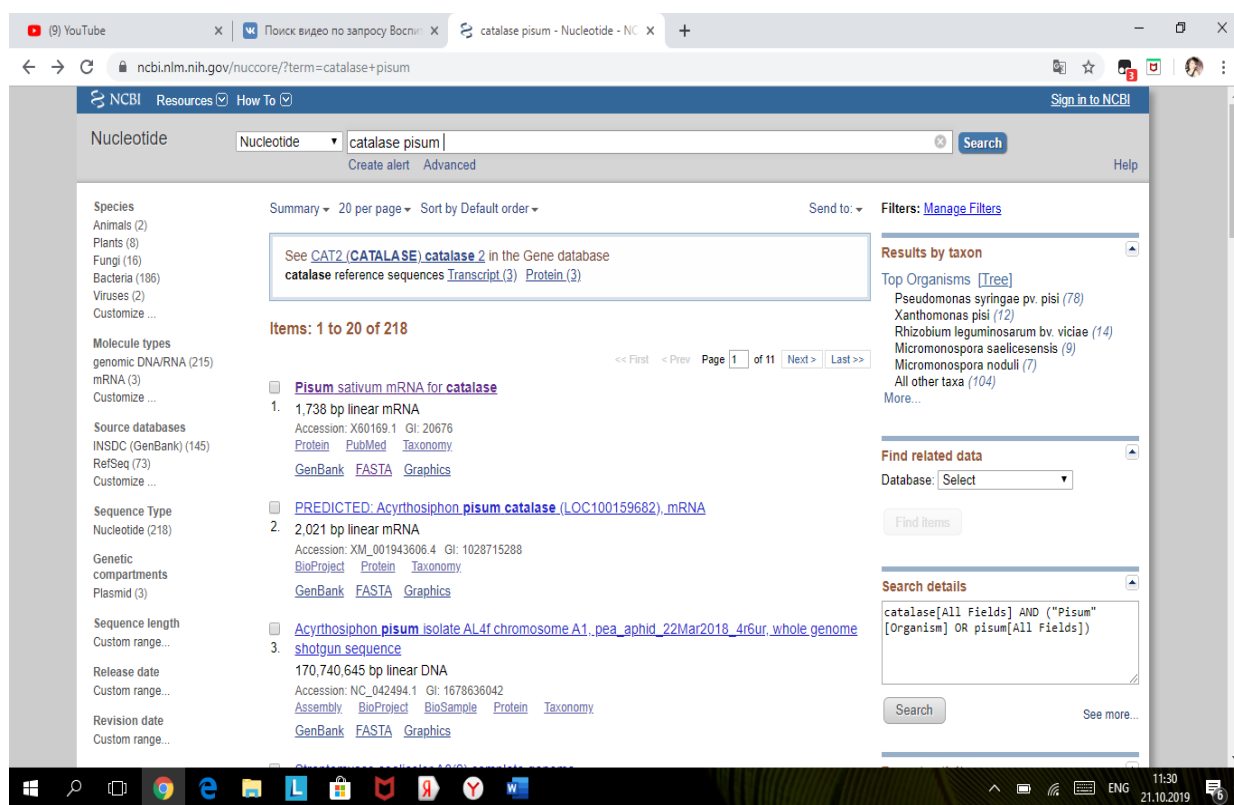
дата

/ _____ /
подпись совершеннолетнего
(законного представителя
несовершеннолетнего)
фамилия, имя, отчество

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, иРНК которую он кодирует, участок, который соответствует аминокислотной последовательности белка (CDS), и сам белок.

NCBI Nucleotide

Search: Triticum aestivum SOD (263) PubMed

Search: Triticum aestivum SOD nuclear gene (3) PubMed

Triticum aestivum manganese superoxide dismutase (SOD) mRNA, nuclear ge Nucleotide

See more...

Protein ID: CAA42736.1

Translation: MDPYKHPSSAFNSPFWTTNSGAPVWNNNSLTVGSRGPILLEDYHLVEKLAQFDRERIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAGVQTPVIVRFSTVIHERGSPETLRDPRGFAVKFYTREGNYDLVGNNFPVFFVHDGMNFPDMVHALKPNPQTHIQENWRILDFFYNFPESLHMFSLFDDVGVPQDYRHMDGFGVNV

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

NCBI Protein

Search: catalase [Pisum sativum] - Protein

Protein ID: CAA42736.1

GenBank: CAA42736.1

Identical Proteins FASTA Graphics

Go to: (v)

LOCUS CAA42736 494 aa linear PLN 18-APR-2005

DEFINITION catalase [Pisum sativum].

ACCESSION CAA42736

VERSION CAA42736.1

DBSOURCE embl accession X60169.1

KEYWORDS .

SOURCE Pisum sativum (pea)

ORGANISM Pisum sativum

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; fabids; Fabales; Fabaceae; Papilionoideae; Fabaeae; Pisum.

REFERENCE 1 (residues 1 to 494)

AUTHORS Isin, S.H. and Allen, R.D.

TITLE Isolation and characterization of a pea catalase cDNA

JOURNAL Plant Mol. Biol. 17 (6), 1263-1265 (1991)

PUBMED 1932700

REFERENCE 2 (residues 1 to 494)

AUTHORS Allen, R.D.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (19-JUN-1991) R.D. Allen, Texas Tech, Dept of Biological Sciences, Flint and Main street, Lubbock Texas, 79409-3131, USA

FEATURES source 1..494

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Identify Conserved Domains

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Related information

Nucleotide

PubMed

Taxonomy

CDD Search Results

Conserved Domains (Concise)

Conserved Domains (Full)

Domain Relatives

Encoding mRNA

Full text in PMC

Вам необходимо выбрать FASTA файл, нажав на соответствующую кнопку. Перейдя в раздел FASTA, вы копируете всю аминокислотную последовательность белка, включая верхнюю строчку.

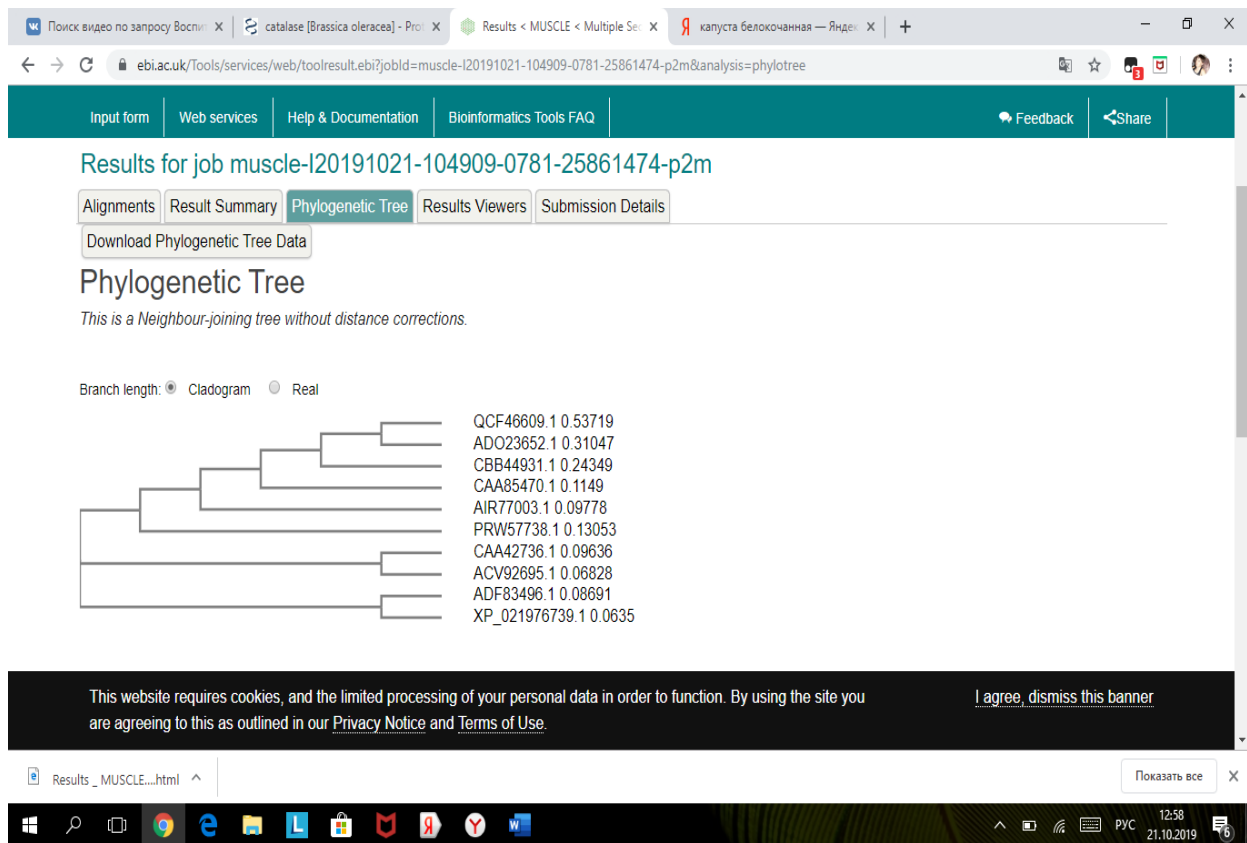
```
>CAA42736.1 catalase [Pisumsativum]
MDPYKHPSSAFNSPFWTTNSGAPVWNNNSLTVGSRGPILLEDYHLVEKLA
QFDRERIPERVVHARGASAKGFFEVDTHDISHLTCADFLRAGVQTPVIVRFST
VIHERGSPETLRDPRGFAVKFYTREGNYDLVGNNFPVFFVHDGMNFPDMVH
ALKPNPQTHIQENWRILDFFYNFPESLHMFSLFDDVGVPQDYRHMDGFGVN
```

TYTLINKAGKSVYVKFHWKPTCGVKCLLEEEAIQVGGSNHSHATKDLYDSIA
AGNYPEWKLYIQTIDPAHEDRFEFDPLDVTKTWPEDIPLQPVGRMVLNKNID
NFFAENEQLAFCPAIMLPGIYYSDDKMLQTRVFSYADSQRHRLGPNYLQLPV
NAPKWSHHNNHHEGFMNAIHRDEEVNYFPSRHDTVRHAERVPIPTTHLSAR
REKCNIPKQNHFKQAGERYRTWAPDRQERFLRRWVEALSDTDPRITHEIRSI
WVSYWSQADRSLGQKLASHLNMPSI

Данную последовательность можете вставить в документ Ворд 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, перейдя по ссылке: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/>. Далее нажимаете кнопку «выровнять» (SUBMIT), немного подождите, и вы получите выровненный файл аминокислотных последовательностей белка каталазы.

The screenshot shows the MUSCLE web interface for multiple sequence alignment. The browser address bar displays the URL: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/services/web/toolresult.ebi?jobId=muscle-l20191021-104909-0781-25861474-p2m>. The page title is "Results for job muscle-l20191021-104909-0781-25861474-p2m". The interface includes tabs for "Alignments", "Result Summary", "Phylogenetic Tree", "Results Viewers", and "Submission Details". The "Alignments" tab is selected, showing a table of sequence identifiers and their corresponding amino acid sequences. The sequences are aligned using the MUSCLE algorithm, as indicated by the text "CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)". A cookie banner is visible at the bottom of the browser window, stating "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." The banner includes a link to "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 файл Ворд 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 [Chlorellasorokiniana];
2. Отдел Красные водоросли [Pyropiaeyezoensis];
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 [Liliumlongiflorum]
 - 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 [Brassicaoleracea].

ПРИЛОЖЕНИЕ 6
к положению о межрегиональных 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.