Приложение 1

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

дисциплины 2.1.05 «Анализ наследования количественных признаков сельскохозяйственных растений»

Научная специальность 4.1.2. Селекция, семеноводство и биотехнология растений

Факультет Инженерно-технологический

Кафедра «Агрономия и селекция сельскохозяйственных культур»

Форма обучения очная

ПАСПОРТ ФОНДА ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

2.1.05 «Анализ наследования количественных признаков сельскохозяйственных растений»

№ п/п	Контролируемые разделы дисциплины	Наименование оценочного средства и иных материалов	Кол-во
1	В целом	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине	1
2		Описание показателей и критериев оценивания знаний, умений, навыков и опыта деятельности	4
3		Типовые контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и опыта деятельности	3
4		Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и опыта деятельности	3

1 ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Изучение данной учебной дисциплины направлено на формирование у обучающихся знаний, умений и навыков, способствующих реализации следующих трудовых функций:
Планирование селекционных программ.

Трудовые действия:

- планирование способов поиска и создания генетических ресурсов, необходимых для достижения цели селекционной программы;
- определение объемов скрещиваний, посевов для оценки селекционных потомств на этапах селекционной программы;
- планирование системы сбора и анализа данных фенотипирования и генотипирования растений с использованием методов математической статистики и машинного обучения.

Необходимые умения:

- определять способы фенотипического и генотипического анализа генетических коллекций;
- определять источники генетических ресурсов и способы создания генетических коллекций;

Необходимые знания:

- способы поиска генетических ресурсов и создания генетических коллекций
- принципы определения числа скрещиваний, числа производимых селекционных популяций
- способы анализа данных фенотипической и генотипической оценки с использованием математической статистики и машинного обучения.

2 ОПИСАНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ И КРИТЕРИЕВ ОЦЕНИВАНИЯ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ, НАВЫКОВ И ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ

2.1 Описание шкалы оценивания освоения материала дисциплины

Промежуточная аттестация обучающихся по дисциплине «Анализ наследования количественных признаков сельскохозяйственных растений» проводится по итогам обучения в 4 семестре и является обязательной. Зачёт с оценкой сдаётся в последнюю неделю семестра. Зачёт с оценкой принимается преподавателем, проводившим практические занятия.

Зачёт с оценкой проводится письменно в форме тестов или в традиционной устной форме в виде опроса. По мере изложения аспирантом ответов на вопросы билета преподаватель вправе задавать уточняющие вопросы для определения глубины и устойчивости знаний аспиранта.

Знания, умения и навыки обучающегося на зачёте с оценкой оцениваются дифференцировано по 4-балльной шкале: «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неаттестованно».

2.2 Обобщенное описание показателей и критериев оценивания освоения материала дисциплины

Уровень освоения	Оценка	Критерии
4	Отлично	Аспирант показал всестороннее, глубокое знание учебно-программного материала дисциплины «Анализ наследования количественных признаков сельскохозяйственных растений», умение свободно выполнять задания, предусмотренные программой, усвоил основную и знаком с дополнительной литературой, рекомендованной программой.
3	Хорошо	Продемонстрированы достаточно твёрдые знания материала дисциплины, умения и навыки их использования при решении конкретных задач, показаны знания, соответствующие требованиям по направлению подготовки, проявлено понимание сущности и взаимосвязи рассматриваемых процессов и явлений, даны правильные, полные ответы на большинство вопросов. Нет грубых ошибок. При ответах на отдельные вопросы допущены неточности.
2	Удовлетворительно	Аспирант показал знание основного учебного материала в необходимом для дальнейшей учебы объеме, знаком с основной литературой, рекомендованной программой.
1	Неаттестованно	Аспирант не дал ответа, или дал неправильные ответы на большинство вопросов, продемонстрировано непонимание сущности предложенных вопросов, допущены грубые ошибки при ответе на вопросы, профессиональные компетенции не сформированы полностью или частично.

3 ТИПОВЫЕ КОНТРОЛЬНЫЕ ЗАДАНИЯ И ИНЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НЕОБХОДИМЫЕ ДЛЯ ОЦЕНКИ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ, НАВЫКОВ И ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ

3.1. Вопросы к зачету с оценкой

1. Основные взгляды и представления ведущих ученых о современной генетике Генетический анализ и его значение в селекции.
2. Генетическое картирование. Генетические карты в экспериментальной биологии и в селекции.
3. Значение генетических карт растений и животных как объектов практической селекции.
4. Для каких организмов нужно стремиться построить генетические карты?
5. Принципы и методы построения генетических карт, основные методы генетического картирования.
6. Общая теория генетической рекомбинации.
7. Картирование по данным расщепления в анализирующем скрещивании и во втором поколении.
8. Установление связи между группой сцепления и хромосомой.
9. Определение генетических и цитологических расстояний.
10. Предмет, задачи и этапы генетического анализа количественных различий.
11. Значение биологических особенностей объекта для генетического анализа. Генетические коллекции. Модельные объекты и их роль в генетическом анализе.
12. Общие основы генетического анализа. Генетическая комбинаторика.
13. Методы генетического анализа.
14. Сущность менделистического метода генетического анализа количественных признаков.
15. Сущность алгебраического метода генетического анализа количественных признаков, или метод решения уравнений.
16. Метод сигнальных генов в генетическом анализе количественных признаков.
17. Комбинаторика полигенов.
18. Возникновение биномиального распределения генотипов.
19. Влияние различных генотипических элементов на As и Ex.
20. Причины снижения величины эксцесса (Ex).
21. Влияние соотношения гено- и паратипической изменчивости на характер распределения фенотипов.
22. Гибридологический, цитогенетический, молекулярно-генетический методы Приемы открытия каркаса F_2 от паратипического покрова.
23. Выделение генотипического компонента изменчивости.
24. Наследование признаков при моногенных различиях между исходными формами
25. Систематические отклонения в расщеплениях, их возможные причины.
26. Определение числа генов и силы их действия по А.С.Серебровскому.
27. Изучение генетического контроля признаков и определение числа пар селекционно-ценных аллелей у образцов источников.
28. Количественные признаки, в первую очередь необходимые для генетического изучения.
29. Индивидуальный анализ потомства F_2 в третьем и последующих поколениях.
30. Основной подход для определения доли растений F_2 с генотипом рецессивной родительской формы по изучаемому признаку
31. Построение рабочих гипотез в процессе гибридологического анализа количественных признаков.

32. Предпосылки применения приема деления частоты рецессивной родительской формы на 4, 16, 64 и т. д. при анализе F_2 простых гибридов.
33. Основные условия, при которых методика определения числа генов, контролирующих количественные признаки, может давать верную информацию
34. Способ анализа расщепления по Мережко А.Ф.
35. Методика применения прикладной компьютерной программы *«Полиген А».*
36. Методика применения прикладной компьютерной программы «Полиген М»
37. Методика применения прикладной компьютерной программы «Генэкспресс».

3.2. Варианты индивидуальных заданий

3.2.1 Определите, по скольким генам различаются родительские сорта пшеницы по признаку высота растений, используя для анализа данных теоретической модели метод А.Ф.Мережко. Сколько из них генов с полным доминированием?

Высота растений риса в F_2 NS 439 х Кавказ и их родителей

Родители и F_2	Высота растений	Количество растений в классах, %												
		75	80	85	90	95	100	105	110	115	120	125	130	135
NS 439	90	1,5	7,6	24,1	47,3	17,4	2,1							
F_2	110		0,4	1,7	4,6	10,7	14,8	18,2	21,1	15	9,1	3,5	0,7	0,2
Кавказ	115			0,6	1,2	1,9	5,9	14,1	26,5	24,5	17,6	5,9	1,2	0,6

3.2.2. Используя компьютерную программу **Genetika,** ввести данные в один столбец, обработать их с помощью программы и записать результаты анализа. Начертить теоретический и фактический графики.

Масса 1000 зерен риса Ромео х Вираж, F_2, 2023 г. (109 растений)

109	25	28,5	26	29,3	24,3	28,8	28,3	33,6	31,8
20,1	28,4	25,9	23,9	22,8	30,9	28,2	35,9	27,5	31,9
31,9	30,3	30,5	38,6	28,7	27,2	33,5	26,6	31,3	35,3
27,7	32,2	31,3	27,9	28,8	29,6	27,4	38,7	30,1	27,6
32,6	33	34,5	24,3	32,3	27,4	29,9	28,9	30,2	30,2
32,8	35	23	33	27,1	34,5	26,5	31,3	36,3	28,3
37,2	25,1	31,9	28,9	29,4	29,7	27,5	31,2	27	30,3
21,9	37,3	23,1	33,3	30,8	33,4	26,6	32,5	34,1	27,1
32,8	31,9	27,9	30,7	34,1	29,8	31	30	27,6	27,1
32,8	32,3	37,8	35,1	26,4	33,5	31,1	39,2	31,6	32,5
34,9	27,9	24,6	28,7	27,2	28,1	32,4	24,4	31,3	35,5

3.3. Варианты тестовых заданий к зачету с оценкой

3.3.1 Вариант 1

1. Совокупность методов, позволяющих определить характер действия, число генов, определяющих наследование анализируемого признака, их локализацию, структуру и экспрессию в онтогенезе:
   1) дисперсионный анализ,
   2) генетический анализ,
   3) статистический анализ,
   4) анализ ДНК

2. Модельные организмы для генетического анализа отличаются, как правило:
   1) наличием большого числа альтернативных признаков,
   2) коротким периодом вегетации,
   3) хорошей плодовитостью,
   4) достаточной простотой постановки скрещиваний,
   5) верны все ответы
3. Метод генетического анализа:
   1) гибридологический,
   2) цитогенетический,
   3) молекулярно-генетический,
   4) популяционный,
   5) верны все ответы
4. Задача генетического анализа:
   1) изучение наследования отдельных признаков,
   2) установление локализации генов,
   3) анализ структуры и функции гена,
   4) геномный анализ,
   5) верны все ответы
5. Основные этапы генетического анализа:
   1) изучение наследования отдельных признаков для установления гена,
   2) локализация генов в группе сцепления и на генетической карте,
   3) изучение структуры, функций и механизмов действия гена,
   4) отбор лучших генотипов,
   5) 1 + 2 + 3,
   6) 1 + 2 + 4
6. Метод генетического анализа, основанный на подборе и скрещивании гомозиготных форм, различающихся по контрастным признакам и количественном и качественном анализе потомства от этого скрещивания:
   1) молекулярно-генетический метод,
   2) цитогенетический метод,
   3) гибридологический метод,
   4) генеалогический метод,
   5) верны все ответы
7. Метод анализа проявления признака у членов семьи, в нескольких поколениях, числа потомков с признаком и без него, а также родственных отношений:
   1) молекулярно-генетический метод,
   2) цитогенетический метод,
   3) гибридологический метод,
   4) генеалогический метод,
   5) верны все ответы
8. Метод, позволяющий установить причины отклонений, вызванных нарушениями протекания мейотического и митотического деления:
   1) молекулярно-генетический метод,
   2) цитогенетический метод,
   3) гибридологический метод,
   4) генеалогический метод,
   5) верны все ответы
9. Метод, используемый для кодирующих последовательностей, изучения механизмов генетических процессов - репликации, рекомбинации, репарации и экспрессии генов:
   1) молекулярно-генетический метод,
   2) цитогенетический метод,

3) гибридологический метод,
4) генеалогический метод,
5) верны все ответы

10. Система двух скрещиваний, в одном из которых (прямом) признак имеется у матери, а другом (обратном) - у отца; необходимы для выявления генетической природы признака (ядерная или внеядерная), а также для определения сцепления этого признака с полом:

1) возвратные скрещивания,
2) реципрокные скрещивания,
3) насыщающие скрещивания,
4) анализирующие скрещивания,
5) циклические или диаллельные скрещивания

11. Скрещивания с формами, у которых признак находится в рецессивном состоянии (рецессивная гомозигота); необходимы для установления генотипа анализируемой формы, для анализа сцепления генов, определения частоты образования гамет у гетерозиготного родителя:

1) возвратные скрещивания,
2) реципрокные скрещивания,
3) насыщающие скрещивания,
4) анализирующие скрещивания,
5) циклические или диаллельные скрещивания

12. Скрещивания потомков с одним из родителей, могут оказаться анализирующими; необходимы для определения наследования признака:

1) возвратные скрещивания,
2) реципрокные скрещивания,
3) насыщающие скрещивания,
4) анализирующие скрещивания,
5) циклические или диаллельные скрещивания

13. Последовательные скрещивания потомков нескольких поколений возвратных скрещиваний, имеющих цитоплазму от матери, с исходной отцовской формой; используются для создания изогенных линий (форм, имеющих отличия только по отдельным генам), для изучения эффекта цитоплазмы и др.:

1) возвратные скрещивания,
2) реципрокные скрещивания,
3) насыщающие скрещивания,
4) анализирующие скрещивания,
5) циклические или диаллельные скрещивания

14. Система скрещивания многих форм, различающихся или сходных по одному признаку, друг с другом во всех сочетаниях (полная схема), или только часть (неполная схема):

1) возвратные скрещивания,
2) реципрокные скрещивания,
3) насыщающие скрещивания,
4) анализирующие скрещивания,
5) циклические или диаллельные скрещивания

15. Тип наследования - признак проявляется в каждом поколении; каждый ребенок от такого родителя имеет 50%-ную вероятность унаследовать этот признак; потомки без этого признака имеют детей без его проявления; мальчики и девочки одинаково часто имеют этот признак:

1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,

4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

16. Тип наследования - единственный случай проявления признака в родословной:
1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,
4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

17. Тип наследования - родители ребенка, у которого проявился признак, как правило, гетерозиготны по гену этого признака; мальчики и девочки одинаково часто имеют этот признак; вероятность повторного появления в семье ребенка с таким признаком равна 25%; в браке родителей, имеющих этот признак, все дети имеют его:
1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,
4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

18. Тип наследования – признак проявляется и у мужчин и у женщин, но у женщин примерно в два раза чаще; у мужчины с таким признаком все дочери будут также его иметь; в потомстве женщин с этим признаком будут передавать его с одинаковой частотой сыновьям и дочерям:
1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,
4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

19. Тип наследования – признак проявляется в основном только у мужчин; признак от отца передается через дочерей, у которых он не проявляется, половине его внуков; никогда не передается от отца к сыну:
1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,
4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

20. Тип наследования – признак передается от отца только к сыновьям:
1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,
4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

21. Тип наследования – признак передается от матери всем детям независимо от пола; от отца этот признак не передается ни дочерям, ни сыновьям:
1) спорадический,
2) аутосомно-рецессивный,
3) аутосомно-доминантный,
4) рецессивный, сцепленный с Х-хромосомой,
5) доминантный, сцепленный с Х-хромосомой,
6) У-сцепленное (голандрическое) наследование,
7) митохондриальная или цитоплазматическая наследственность

22. В случае внеядерного наследования при однородительском типе передачи:
1) гибриды реципрокных скрещиваний имеют одинаковое с одним родителем проявление признака,
2) гибриды реципрокных скрещиваний имеют одинаковое проявление, но наблюдается промежуточное проявление признака, или появление нового признака,
3) гибриды прямого и обратного скрещиваний похожи на мать,
4) гибриды различаются по проявлению признака у разных полов

23. Вывод о типе взаимодействия генов - аллельных или неаллельных и о числе генов можно сделать только на основании анализа гибридов
1) первого поколения,
2) второго поколения,
3) третьего поколения,
4) четвертого поколения,

24. Менделевские закономерности действуют при:
1) гомозиготности исходных форм,
2) наличии полового процесса,
3) равной выживаемости гамет и зигот разных генотипов,
4) полной пенетрантности признака,
5) верны все ответы

25. Систематические отклонения в расщеплениях, их возможные причины:
1) хромосомные перестройки,
2) негомологичное спаривание хромосом,
3) предпочтительное расхождение гомологичных хромосом в мейозе,
4) влияние летальных мутаций,
5) верны все ответы

26. Генетическое картирование – это:
1) определение генетической детерминации тех или иных признаков,
2) идентификация генов и создаются коллекции маркированных и тестерных линий,
3) проведение ди- и полигибридных скрещиваний, выявляющих особенности передачи нескольких генов одновременно,
4) установление, какие гены наследуются независимо, т. е. расположены в разных хромосомах, а какие сцеплены,
5) определение порядка генов в каждой группе сцепления и расстояний между ними, измеряемых в генетических единицах.
6) верны все ответы

27. Неслучайное распределение генов по длине хромосом наблюдается, если:
1) гены концентрируются в тесные группы,
2) гены скапливаются около центромеры,
3) скопления генов располагаются на кончиках хромосом,
4) большие участки хромосом не несут идентифицированных генов,
5) верны все ответы

28. Значение генетических карт в экспериментальной биологии:

1) позволяют изучить эволюционные преобразования генетического аппарата,
2) полезны для осуществления хромосомной инженерии, т. е. замены хромосом или их частей на генетический материал других форм,
3) необходимы для осуществления генной инженерии,
4) верны все ответы

29. Для чего строятся генетические карты?
1) для изучения генетической рекомбинации,
2) для изучения некоторых аспектов мутагенеза,
3) для изучения регуляции действия генов,
4) верны все ответы

30. Знание карт генов растений или животных — объектов практической селекции позволяет:
1) сознательно планировать гибридологическую работу по синтезу форм, совмещающих желаемые признаки, контролируемые этими генами,
2) осуществить цитологический контроль переноса целых хромосом или их частей,
3) узнать о нарушении правильного расхождения хромосом в мейозе,
4) верны все ответы

3.3.1 Вариант 2

1. Анализ потомства от скрещивания множественно маркированных линий с формами, проявляющими хозяйственно важный, полигенно наследуемый признак, позволяет:
1) выявить хромосому, преимущественно определяющую данный признак,
2) определить участок хромосомы, где концентрируются гены, имеющие основное влияние на развитие рассматриваемого признака.
3) определить локализацию генов,
4) 1 + 2,
5) 1 + 2 + 3

2. Для каких организмов нужно стремиться построить генетические карты?
1) отдельные представители крупных систематических групп,
2) объекты экспериментальных исследований,
3) особо вредные организмы,
4) объекты интенсивной селекционной работы,
5) верны все ответы

3. Для того чтобы связать выявленную группу сцепления с конкретной хромосомой гаплоидного набора, необходимо применение:
1) цитогенетических методов,
2) генетических методов,
3) цитологических методов,
4) селекционных методов

4. Для установления порядка генов в группе сцепления определяется:
1) нахождение генов в конкретной хромосоме,
2) частота рекомбинации между каждой парой генов,
3) количество генов в хромосоме,
4) верны все ответы

5. Общая теория генетической рекомбинации. При условии одинаковой вероятности обменов в любой точке хромосомы можно рассматривать их среднее количество на бивалент или на участок между двумя генами как:
1) меру длины хромосомы или этого ее участка,
2) количество генов в хромосоме,
3) длину ДНК одного гена,
4) верны все ответы

6. Для определения частоты рекомбинации при постановке анализирующего скрещивания нужно:
   1) гетерозиготы AB/ab или Ab/aB скрестить между собой,
   2) гетерозиготы AB/ab или Ab/aB скрестить с двойным рецессивом ab/ab,
   3) гетерозиготы AB/ab, Ab/aB скрестить с двойным доминантом AB/AB,
   4) верны все ответы
7. Связь между группой сцепления и хромосомой устанавливается:
   1) по продольной дифференцированности хромосом, окрашенных по Гимза,
   2) с применением различных хромосомных аберраций,
   3) при использовании анеуплоидов,
   4) верны все ответы
8. Причина того, что генетические расстояния не строго соответствуют цитологическим:
   1) нарушение правильного расхождения хромосом в мейозе,
   2) кроссинговер с неодинаковой вероятностью может происходить на разных участках хромосомы,
   3) цитологически наблюдаемые хромосомы являются более или менее сильно конденсированными в результате спирализации составляющих их нуклеопротеидных нитей,
   4) 2 + 3,
   5) 1 + 2 + 3
9. Когда у трисомика утроена именно та хромосома, в которой локализуется изучаемый рецессивный ген, расщепление будет в соотношении:
   1) 3 : 1,
   2) 11 : 1,
   3) 17 : 1,
   4) 35 : 1
10. Методы генетического анализа количественных признаков:
   1) менделистический,
   2) алгебраический,
   3) цитогенетический,
   4) метод сигналей,
   5) 1 + 2 + 4,
   6) верны все ответы
11. Принцип этого метода основан на том, что различное число и сила генов, разная степень доминирования, отражаются на характере кривых распределения в гибридных поколениях:
   1) менделистический,
   2) алгебраический,
   3) цитогенетический,
   4) метод сигналей,
   5) верны все ответы
12. Принцип этого метода состоит в замене особи группой ее потомства, чтобы при этом оказалась нейтрализованной паратипическая изменчивость:
   1) менделистический,
   2) алгебраический,
   3) цитогенетический,
   4) метод сигналей,
   5) верны все ответы
13. Метод состоит в том, чтобы, используя локализацию генов в хромосомах и явление сцепления, исследовать влияние на изучаемый признак того участка хромосомы, в котором расположен данный ген:
   1) менделистический,
   2) алгебраический,

3) цитогенетический,
4) метод сигналей,
5) верны все ответы

14. Гены, влияющие на один и тот же признак и в различных комбинациях способные обусловливать при сходных внешних условиях различную степень развития признака:
1) гены-модификаторы,
2) плейотропные гены,
3) полигены,
4) олигогены

15. В скрещивании с участием нескольких генов, расположенных в разных хромосомах и способных свободно комбинироваться, возникает характерное распределение генотипов гамет и зигот:
1) Гаусса,
2) Пуассона,
3) нормальное,
4) биномиальное

16. Асимметричный полигон в F_2 возникает в случае:
1) сцепления генов,
2) разной силы генов,
3) доминирования генов,
4) типа скрещиваний,
5) верны все ответы

17. Величина эксцесса снижается из-за влияния:
1) сцепления генов,
2) разной силы генов,
3) типа скрещиваний,
4) паратипической изменчивости,
5) верны все ответы

18. Распределение фенотипов из правильного биномиального становится все более растянутым и неправильным и, наконец, в нем обозначаются ясные вершины по мере:
1) увеличения числа генов,
2) увеличения силы действия гена,
3) уменьшения силы действия гена,
4) увеличения размаха паратипической изменчивости

19. Используя менделистический метод или изучение расщепления в потомстве каркас F_2 можно открыть от паратипического покрова с помощью:
1) скрещивания особей F_2 с чистыми линиями,
2) скрещивания особей F_2 с особями F_1,
3) инбридинга F_2,
4) верны все ответы

20. Этот прием состоит в том, чтобы подвергнуть особей F_2 самоопылению. При этом в ряду поколений будут выделяться всевозможные генотипы, и число таких генотипов явится анализом скрещивания:
1) скрещивания особей F_2 с чистыми линиями,
2) скрещивания особей F_2 с особями F_1,
3) инбридинга F_2,
4) верны все ответы

21. При гибридизации F_2 с заведомыми гетерозиготами по всем генам, участвующим в распределении, появляется возможность обнаружения расщепления по этим генам.
1) скрещивания особей F_2 с чистыми линиями,
2) скрещивания особей F_2 с особями F_1,

3) инбридинга F_2,
4) верны все ответы

22. Если скрестить моногибриды F_2 с одной из форм – *AA* или *aa*, то число скрещиваний *aa x aa* будет равно 25% от всех скрещиваний:
1) скрещивания особей F_2 с чистыми линиями,
2) скрещивания особей F_2 с особями F_1,
3) инбридинга F_2,
4) верны все ответы

23. Выделение генотипического компонента изменчивости:
1) $\sigma^2_G = \sigma^2_{F2} - \sigma^2_E$,
2) $\sigma^2_G = \sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1}$,
3) $\sigma^2_G = (\sigma^2_{P1} + 2\sigma^2_{F1} + \sigma^2_{P2})/4$
4) верны все ответы

24. Определение числа генов по А.С.Серебровскому:
1) $x = D^2/ 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
2) $x = (3D^2 - 4DD_1 + 4D_1^2)/ 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
3) $x = 3D^2 / 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$.
4) верны все ответы

25. Формула для определения числа генов справедлива при условии:
1) скрещиваются гомозиготные линии,
2) сила генов одинакова,
3) все аллели-усилители находятся у одного родителя, все ослабители – у другого,
4) гены не сцеплены друг с другом,
5) жизнеспособность различных генотипов одинакова,
6) верны все ответы

26. Формула для определения числа генов при неполном доминировании:
1) $x = D^2/ 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
2) $x = (3D^2 - 4DD_1 + 4D_1^2)/ 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
3) $x = 3D^2 / 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
4) $x = 3D^2 / 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$

27. Формула для определения числа генов при отсутствии доминирования:
1) $x = D^2/ 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
2) $x = (3D^2 - 4DD_1 + 4D_1^2)/ 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
3) $x = 3D^2 / 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
4) $x = 3D^2 / 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$

28. Формула для определения числа генов при полном доминировании:
1) $x = D^2/ 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
2) $x = (3D^2 - 4DD_1 + 4D_1^2)/ 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
3) $x = 3D^2 / 16 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$,
4) $x = 3D^2 / 8 (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1})$

29. Определение силы действия генов по А.С.Серебровскому:
1) $i = D/ 2x$,
2) $i = D^2 / 2x$,
3) $i = D/ 4x$,
4) $i = D^2 / 4x$,

30. В процессе генетического анализа важно выяснить:
1) каким числом генов обусловлено внутривидовое разнообразие по изучаемому признаку и как они взаимодействуют между собой,
2) какое значение признака контролируется доминантными аллелями и какое – рецессивными,
3) как влияет на развитие признака цитоплазма,
4) верны все ответы

4 МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИЕ ПРОЦЕДУРЫ ОЦЕНИВАНИЯ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ, НАВЫКОВ И ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ

1. Положение о порядке осуществления образовательной деятельности по программам аспирантуры. СМК-П-02.01-01-22 / разраб. Т.А. Лашина. – Зерноград: Азово-Черноморский инженерный институт ФГБОУ ВО Донской ГАУ, 2022. – 8 с.

2. Порядок проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации аспирантов СМК-П-02.01-01-22 / разраб. Т.А. Лашина. – Зерноград: Азово-Черноморский инженерный институт ФГБОУ ВО Донской ГАУ, 2022. – 10 с.

3. Рабочая программа дисциплины 2.1.05 Анализ наследования количественных признаков сельскохозяйственных растений / разраб. П.И.Костылев. – Зерноград: Азово-Черноморский инженерный институт ФГБОУ ВО Донской ГАУ, 2025. – 17 с.