

48 Olimpiada Biologiczna

Pracownia statystyczno-filogenetyczna – zasady oceniania rozwiązań zadań

Zadanie 1.

Przy sprawdzaniu wszystkich zadań zakłada się, że sekwencje nukleotydowe podane są od końca 5' do końca 3', a sekwencje aminokwasowe od końca N do końca C.

Przykładowe odpowiedzi poprawne zawierające dłuższe sekwencje nukleotydowe są podane wyłączenie jako dodatkowe pliki elektroniczne.

Zadanie 1.1. (0–4 pkt)

Starter przedni:

2 pkt – za podanie poprawnej sekwencji startera przedniego umożliwiającej amplifikację otwartej ramki odczytu (sekwencja zgodna z początkiem otwartej ramki odczytu lub znajdująca się po stronie 5' [po lewej stronie] od niej), jeśli podana sekwencja startera spełnia warunki podane w treści zadania (długość 18–25 reszt nukleotydowych, temperatura topnienia 50–60 °C, cytozyna [C] lub guanina [G] na końcu 3').

1 pkt – za podanie poprawnej sekwencji startera przedniego umożliwiającej amplifikację otwartej ramki odczytu, jeśli podana sekwencja startera nie spełnia warunków podanych w treści zadania.

0 pkt – za podanie sekwencji startera niepozwalającej na amplifikację otwartej ramki odczytu w całości.

Starter wsteczny:

2 pkt – za podanie poprawnej sekwencji startera wstecznego umożliwiającej amplifikację otwartej ramki odczytu (sekwencja zgodna z końcem otwartej ramki odczytu lub znajdująca się po stronie 3' [po prawej stronie] od niej), jeśli podana sekwencja startera spełnia warunki podane w treści zadania (długość 18–25 reszt nukleotydowych, temperatura topnienia 50–60 °C, cytozyna [C] lub guanina [G] na końcu 3', różnica temperatur topnienia między starterami mniejsza niż 5 °C); uznawane były zarówno sekwencje zawierające kodon stop, jak i ich pozbawione.

1 pkt – za podanie poprawnej sekwencji startera wstecznego umożliwiającej amplifikację otwartej ramki odczytu, jeśli podana sekwencja startera nie spełnia warunków podanych w treści zadania.

0 pkt – za podanie sekwencji startera niepozwalającej na amplifikację otwartej ramki odczytu w całości.

Przykładowe poprawne rozwiązanie:

- Starter przedni (1L):
ATGGTTCCATCTGCTGGACAG
(21 reszt nukleotydowych, temperatura topnienia 58 °C, G na końcu 3')
- Starter wsteczny (1P):
TCAGACCACGGTTTCTGAG
(19 reszt nukleotydowych, temperatura topnienia 55 °C, G na końcu 3', różnica 3 °C między starterami przednim i wstecznym)

Przykładowe niepoprawne rozwiązanie:

- Starter wsteczny (1P):
CTCAGAAACCGTGGTCTGA
(Właściwa sekwencja startera, ale podana od końca 3' do końca 5').

Zadanie 1.2. (0–4 pkt)

4 pkt – za wskazanie pary enzymów, które zachowują wysoką aktywność w tym samym buforze, we wstawce nie ma sekwencji rozpoznawanej przez którykolwiek z enzymów, a wybór enzymów umożliwia wklonowanie wstawki we właściwe miejsce plazmidu.

2 pkt – za wskazanie pary enzymów w prawidłowym układzie – przecinającym plazmid we właściwych miejscach, ale przy jednoczesnym występowaniu jednego z następujących uchybień: 1) trawienie DNA z wysoką wydajnością jest niemożliwe ze względu na brak odpowiedniego buforu lub 2) we wstawce znajduje się sekwencja rozpoznawana przez którykolwiek z wybranych enzymów.

0 pkt – jeśli układ enzymów jest nieprawidłowy – plazmid jest przecinany w niewłaściwych miejscach.

Przykładowe poprawne rozwiązanie:

Po stronie 5' (lewej) otwartej ramki odczytu TGF-alfa: NdeI

Po stronie 3' (prawej) otwartej ramki odczytu TGF-alfa: XhoI

Przykładowe niepoprawne rozwiązanie:

Po stronie 5' (lewej) otwartej ramki odczytu TGF-alfa: NcoI

Po stronie 3' (prawej) otwartej ramki odczytu TGF-alfa: XbaI

Zadanie 1.3. (0–2 pkt)

Starter przedni:

1 pkt – za podanie sekwencji przedniego startera po dodaniu na końcu 5' sekwencji rozpoznawanej przez enzym podany w zadaniu 1.2. wraz z odpowiednią liczbą dodatkowych reszt nukleotydowych umożliwiających wydajne trawienie.

0,5 pkt – za podanie sekwencji przedniego startera po dodaniu na końcu 5' sekwencji rozpoznawanej przez enzym podany w zadaniu 1.2. bez dodatkowych reszt nukleotydowych lub z niewystarczającą liczbą dodatkowych reszt nukleotydowych.

0 pkt – za podanie sekwencji niezawierającej sekwencji startera z zadania 1.1. lub sekwencji niezawierającej miejsca rozpoznawanego przez podany w zadaniu 1.2. enzym.

Starter wsteczny:

1 pkt – za podanie sekwencji wstecznego startera po dodaniu na końcu 5' sekwencji rozpoznawanej przez enzym podany w zadaniu 1.2. wraz z odpowiednią liczbą dodatkowych reszt nukleotydowych umożliwiających wydajne trawienie.

0,5 pkt – za dodanie na końcu 5' wstecznego startera sekwencji rozpoznawanej przez enzym podany w zadaniu 1.2. bez dodatkowych reszt nukleotydowych lub z niewystarczającą liczbą dodatkowych reszt nukleotydowych.

0 pkt – za podanie sekwencji niezawierającej sekwencji startera z zadania 1.1. lub sekwencji niezawierającej miejsca rozpoznawanego przez podany w zadaniu 1.2. enzym.

Przykładowe poprawne rozwiązanie:

- Starter przedni (3L): AGATACATATGGTTCCATCTGCTGGACAG
(Dodano miejsce cięcia dla NdeI: CATATG i dodatkowo 5 reszt nukleotydowych.)
- Starter wsteczny (3P): AGATACTCGAGTCAGACCACGGTTTCTGAG
(Dodano miejsce cięcia dla XhoI: CTCGAG i dodatkowo 5 reszt nukleotydowych.)

Przykładowe niepoprawne rozwiązanie:

- Starter wsteczny (3P): TCAGACCACGGTTTCTGAGCTCGAGAGATA
(Miejsce cięcia dla *Xho*I: CTCGAG i dodatkowe nukleotydy dodano po stronie 3' startera.)

Zadanie 1.4. (0–6 pkt)

Po 2 pkt – za podanie prawidłowej sekwencji każdego z następujących odcinków zrekombinowanego wektora:

- od początku do miejsca cięcia pierwszego enzymu podanego w zadaniu 1.2.;
- wstawki powstającej w wyniku przeprowadzenia klonowania z użyciem enzymów podanych w zadaniu 1.2. oraz starterów podanych w zadaniu 1.3.;
- od miejsca cięcia drugiego enzymu podanego w zadaniu 1.2. do końca.

0 pkt – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Zadanie 1.5. (0–4 pkt)

1 pkt – za podanie sekwencji aminokwasowej powstałej w wyniku translacji właściwej otwartej ramki odczytu pochodzącej z zrekombinowanego wektora podanego jako odpowiedź na zadanie 1.4.

Dodatkowo po 1 pkt za spełnienie przez podaną sekwencję powstającą w wyniku translacji każdego z następujących kryteriów:

- sekwencja zawiera sekwencję TGF- α ;
- sekwencja zawiera sekwencję znacznika histydynowego;
- znacznik histydynowy znajduje się po stronie końca N od TGF- α .

0 pkt – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Zadanie 2.1. (0–4 pkt)

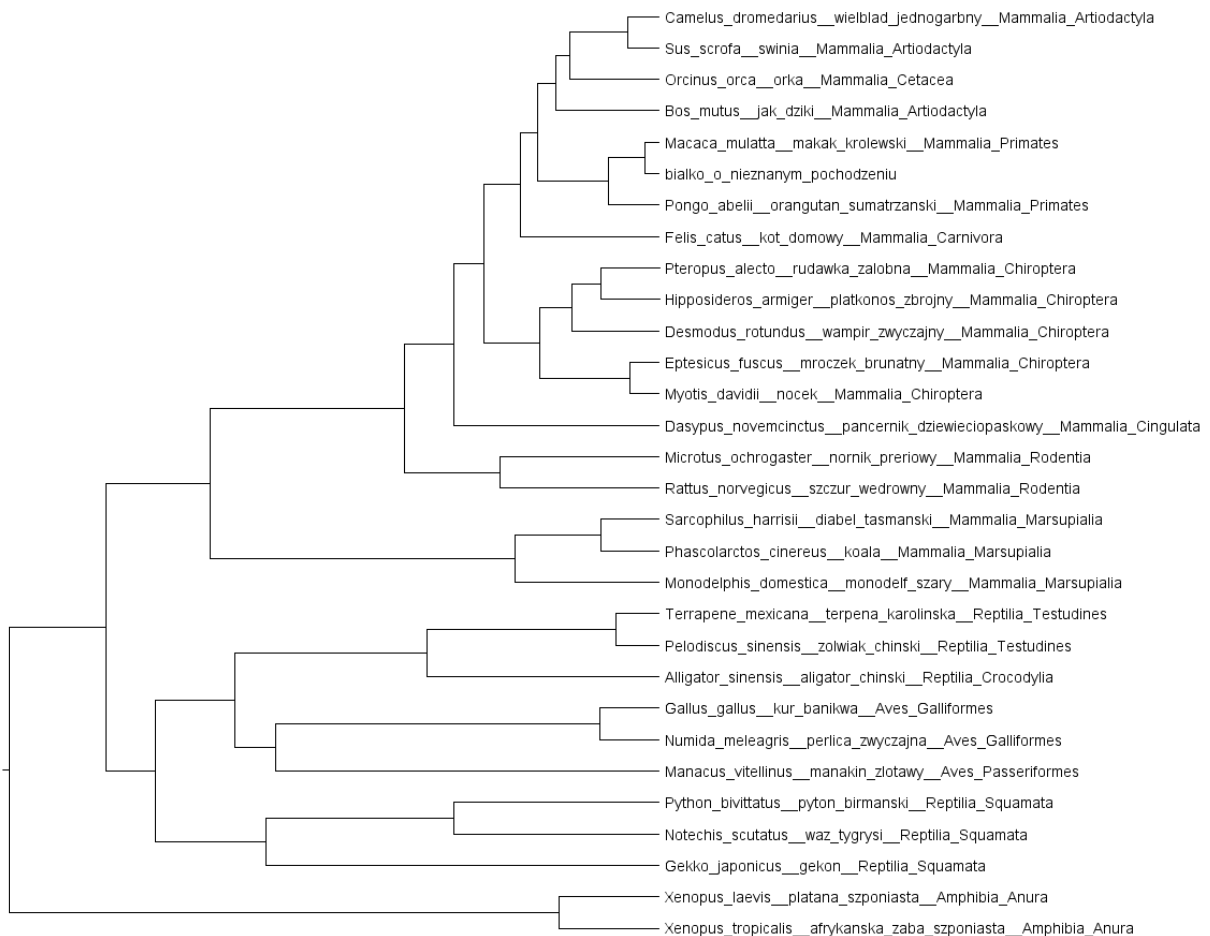
4 pkt – za prawidłowo obliczone i zapisane do pliku NEXUS drzewo UPGMA dla wszystkich 30 sekwencji TGF- α .

Od maksymalnej oceny (4 pkt) odejmuje się po 1 pkt za każde z poniższych uchybień:

- zapis do pliku w innym formacie, np. czysty Newick, PDF, JPEG, itp.,
- obliczenie drzewa dla niepełnego zbioru taksonów – z pominięciem sekwencji uzyskanej z pliku „TGFA_mRNA.ape”,
- nieprawidłową topologię drzewa, np. w wyniku nieprawidłowego przyrównania sekwencji, wykorzystania błędnej sekwencji lub użycia innej metody obliczeniowej niż UPGMA.

0 pkt – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Prawidłowa odpowiedź (obraz topologii drzewa z pliku NEXUS):



Zadanie 2.2. (0–6 pkt)

Po 1 pkt – za prawidłową odpowiedź na każde z sześciu pytań w oparciu o drzewo filogenetyczne otrzymane przez uczestnika.

0 pkt – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub za brak odpowiedzi.

Uwaga: w przypadku braku rozwiązania zadania 2.1. zadanie 2.2. nie podlega ocenie – uczestnik otrzymuje 0 pkt. W przypadku nieprawidłowego rozwiązania zadania 2.1., np. niewłaściwej topologii drzewa filogenetycznego, rozwiązania zadania 2.2. są oceniane w oparciu o drzewo otrzymane przez uczestnika, jeżeli drzewo to pozwala udzielić odpowiedź na zadane pytanie.

Przykładowe odpowiedzi poprawne (dla wzorcowego rozwiązania zadania 2.1.):

1. E.
2. C.
3. E.
4. 1. – T; 2. – N; 3. – T.
5. 1. – T; 2. – T; 3. – T.
6. Kur bankiwa, perlica zwyczajna, manakin złotawy, aligator chiński, terpena zwyczajna i żółwiak chiński. (kolejność gatunków nie ma znaczenia)

Uwaga: w odpowiedzi do pytania 6 niedopuszczalne jest pominięcie dwóch gatunków, które występują w poleceniu: kura bankiwa oraz aligatora chińskiego.