

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации  
НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ  
ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ (НИ ТГУ)

Химический факультет

УТВЕРЖДЕНО:

И.о. декана

А. С. Князев

Оценочные материалы по дисциплине

**Бионформатика. Анализ генома**

по направлению подготовки

**04.04.01 Химия**

Направленность (профиль) подготовки:

**Трансляционные химические и биомедицинские технологии**

Форма обучения

**Очная**

Квалификация

**Магистр**

Год приема

**2023**

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП

И.А. Курзина

Председатель УМК

Л.Н. Мишенина

Томск – 2023

## **1. Компетенции и индикаторы их достижения, проверяемые данными оценочными материалами**

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

ПК-1 Способен планировать работу и выбирать адекватные методы решения научно-исследовательских и/или производственных задач в выбранной области химии, химической технологии или смежных с химией науках.

ПК-3 Способен к решению профессиональных производственных задач.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИПК 1.1 Разрабатывает стратегию научных исследований, составляет общий план и детальные планы отдельных стадий

ИПК 1.3 Использует современное физико-химическое оборудование для получения и интерпретации достоверных результатов исследования в выбранной области химии, химической технологии или смежных с химией науках, применяя взаимодополняющие методы исследования

Проводит поиск, анализирует и обобщает результаты патентного поиска по тематике исследовательской работы

ИПК 3.1 Анализирует имеющиеся нормативные документы по системам стандартизации, разработки и производству химической продукции и предлагает технические средства для решения поставленных задач

ИПК 3.2 Производит оценку применимости стандартных и/или предложенных в результате НИР технологических решений на применимость с учетом специфики изучаемых процессов

## **2. Оценочные материалы текущего контроля и критерии оценивания**

Элементы текущего контроля:

- тестирование;
- устный опрос;
- индивидуальное задание;
- реферат.

Устный опрос (ИПК-1.1, ИПК-1.2)

Темы для устного опроса:

1. Предмет, задачи и объекты биоинформатики
2. Приведите не менее трех примеров биологических баз данных
3. Опишите основные принципы секвенирования
4. Понятие доменов в структуре белков
5. Как можно оценить достоверность данных о метаболитах
6. Вторичные, третичные и четвертичные структуры белка

Критерии оценивания:

«Зачтено» - знание вопроса, владение понятийным аппаратом, научным языком и терминологией, знание ключевых проблем и основного содержания вопроса, умение оперировать понятиями по своей тематике вопроса, в целом логически корректное, но не всегда точное и аргументированное изложение;

«Не зачтено» - незнание либо отрывочное представление о материале вопроса, неумение оперировать понятиями дисциплины, неумение логически определенно и последовательно излагать ответ

Индивидуальное задание (ИПК-1.1, ИПК-1.2, ИПК-1.3, ИПК-3.1, ИПК-3.2)

Пример индивидуального задания по теме «Основные сервисы и программы для обработки биологических последовательностей»:

1. Знакомство с Национальным центром биотехнологической информации NCBI. Структура, отдельные базы.

2. Знакомство с Entrez NCBI – системой поиска необходимой информации из отдельных баз данных, входящих в NCBI.

3. Работа в базе последовательностей белков UNIPROT.

- Извлекаемая информация о белке: идентификационный номер, видовая принадлежность, длина цепи, функция, названия и таксономия, субклеточная локализация, варианты, экспрессия, взаимодействие, структура, семейство и домены, последовательность и изоформы, схожие белки.

- Парное и множественное выравнивания.

- Поиск гомологичных последовательностей с помощью алгоритма BLAST.

Критерии оценивания:

«Зачтено» выставляется в случае, если задание выполнено в соответствии со всеми шагами, предусматриваемые для выбранного задания.

В случае, если какой-то из шагов не выполнен, задание возвращается на доработку

Тестирование (ИПК-1.1, ИПК-3.1)

1. Кто первым дал определение биоинформатики

- а. Полина Хогевер
- б. Лайнус Поллинг
- в. Джейс Уотсон
- г. Френсис Крик
- д. Артур Леск

2. Автор знаменитого учебника по биоинформатике

- а. Артур Леск
- б. Михаил Гельфанд
- в. Константин Северинов
- г. Полина Хогевер
- д. Джеймс Уотсон

3. В каком году было дано одно из первых определений биоинформатики

- а. 1970
- б. 1980
- в. 1990
- г. 2000
- д. 2010

4. Что стимулировало зарождение новых наук о жизни (-омика)

- а. Проект «Геном человека»
- б. Модель строения ДНК в виде двойной спирали
- в. Появление сети ИНТЕРНЕТ
- г. Открытие генетического кода
- д. Возникновение генной инженерии

5. Что не входит в задачи биоинформатики

- а. Секвенирование белков и нуклеиновых кислот
- б. Поиск определенных последовательностей или структур, в том числе обеспечение быстрого поиска в больших базах данных;
- в. Взаимное выравнивание последовательностей или структур, т.е. поиск оптимального совмещения «близких» и совпадающих участков у двух или нескольких последовательностей (структур);
- г. Поиск биологически «близких» последовательностей (структур);

е. Сравнение гомологичных последовательностей различных организмов и построение на этом основании филогенетических деревьев (задачи молекулярной филогении);

6. Назовите крупнейшую биоинформационную базу данных
  - a. NCBI
  - b. UNIPROT
  - c. GenBank
  - d. PDB
  - e. Pir
7. Как называется наука, объектом которой является молекула РНК
  - a. Транскриптомика
  - b. Геномика
  - c. Протеомика
  - d. Метаболомика
  - e. Гликомика

Критерии оценивания:

Тесты содержат по 10 вопросов. «Зачтено» выставляется при предоставлении 7 и более правильных ответов.

Реферат (ИПК-1.1, ИПК-1.2, ИПК-3.1, ИПК-3.2)

Примеры тем рефератов:

- Паспортизация и идентификация сортов сои с использованием анализа SSRs локусов
- Предсказание функциональных свойств химерного белка у малярийного комара *Anopheles messeae* с хромосомной инверсией 2R1
- Анализ структуры, функций и эволюции белка репарации AGAP004286-PA у малярийного комара *Anopheles gambiae*
- Метагеномика рака полости рта
- Пространственная транскриптомика рака полости рта

Критерии оценивания:

Реферативная работа должна содержать:

- титульный лист;
- содержание;
- введение;
- основная часть;
- заключение;
- список использованных источников;
- приложения (при необходимости).

Реферативная работа защищается перед преподавателем в виде устного доклада с презентацией. Длительность выступления 5-7 минут, включая вопросы.

Работа считается зачетной при соответствии всем вышеуказанным критериям

При отсутствии какого-либо из элементов работа отправляется на доработку

### **3. Оценочные материалы итогового контроля (промежуточной аттестации) и критерии оценивания**

Зачет с оценкой во втором семестре проводится в форме теста. Тест содержит 20 вопросов. Продолжительность зачета 1,5 часа.

Примеры заданий зачетного теста:

1. Кто первым дал определение биоинформатики

- a. Полина Хогевег
  - b. Лайнус Поллинг
  - c. Джейс Уотсон
  - d. Френсис Крик
  - e. Артур Леск
2. Автор знаменитого учебника по биоинформатике
- a. Артур Леск
  - b. Михаил Гельфанд
  - c. Константин Северинов
  - d. Полина Хогевег
  - e. Джеймс Уотсон
3. В каком году было дано одно из первых определений биоинформатики
- a. 1970
  - b. 1980
  - c. 1990
  - d. 2000
  - e. 2010
4. Что стимулировало зарождение новых наук о жизни (-омика)
- a. Проект «Геном человека»
  - b. Модель строения ДНК в виде двойной спирали
  - c. Появление сети ИНТЕРНЕТ
  - d. Открытие генетического кода
  - e. Возникновение генной инженерии
5. Что не входит в задачи биоинформатики
- a. Секвенирование белков и нуклеиновых кислот
  - b. Поиск определенных последовательностей или структур, в том числе обеспечение быстрого поиска в больших базах данных;
  - c. Взаимное выравнивание последовательностей или структур, т.е. поиск оптимального совмещения «близких» и совпадающих участков у двух или нескольких последовательностей (структур);
  - d. Поиск биологически «близких» последовательностей (структур);
  - e. Сравнение гомологичных последовательностей различных организмов и построение на этом основании филогенетических деревьев (задачи молекулярной филогении);
6. Назовите крупнейшую биоинформационную базу данных
- a. NCBI
  - b. UNIPROT
  - c. GenBank
  - d. PDB
  - e. Pir
7. Как называется наука, объектом которой является молекула РНК
- a. Транскриптомика
  - b. Геномика
  - c. Протеомика
  - d. Метаболомика
  - e. Гликомика
8. Банк, в котором хранится информация о последовательностях аминокислот
- a. UNIPROT
  - b. GenBank
  - c. PDB
  - d. PRIDE
  - e. Pfam

9. Банк, в котором хранится информация о структуре белков
  - a. PDB
  - b. UNIPROT
  - c. GenBank
  - d. PRIDE
  - e. Pfam
10. Банк, в котором хранится информация о нуклеотидных последовательностях
  - a. GenBank
  - b. UNIPROT
  - c. PDB
  - d. PRIDE
  - e. Pfam

Критерии оценивания:

Результаты зачета с оценкой определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

Оценка «отлично» выставляется при 17-20 правильных ответов

Оценка «хорошо» выставляется при 14-16 правильных ответов

Оценка «удовлетворительно» выставляется при 12-13 правильных ответах

Оценка «неудовлетворительно» выставляется при менее 11 правильных ответах

#### **4. Оценочные материалы для проверки остаточных знаний (сформированности компетенций)**

Тестовые задания

1. Что стимулировало зарождение новых наук о жизни (-омик)
  - a. Проект «Геном человека»
  - b. Модель строения ДНК в виде двойной спирали
  - c. Появление сети ИНТЕРНЕТ
  - d. Открытие генетического кода
  - e. Возникновение генной инженерии
2. Что не входит в задачи биоинформатики
  - a. Секвенирование белков и нуклеиновых кислот
  - b. Поиск определенных последовательностей или структур, в том числе обеспечение быстрого поиска в больших базах данных;
  - c. Взаимное выравнивание последовательностей или структур, т.е. поиск оптимального совмещения «близких» и совпадающих участков у двух или нескольких последовательностей (структур);
  - d. Поиск биологически «близких» последовательностей (структур);
  - e. Сравнение гомологичных последовательностей различных организмов и построение на этом основании филогенетических деревьев (задачи молекулярной филогении);
3. Банк, в котором хранится информация о последовательностях аминокислот
  - a. UNIPROT
  - b. GenBank
  - c. PDB
  - d. PRIDE
  - e. Pfam
4. Банк, в котором хранится информация о структуре белков
  - a. PDB
  - b. UNIPROT
  - c. GenBank
  - d. PRIDE

- e. Pfam
- 5. Банк, в котором хранится информация о нуклеотидных последовательностях
  - a. GenBank
  - b. UNIPROT
  - c. PDB
  - d. PRIDE
  - e. Pfam

### **Информация о разработчиках**

Воробьев Ростислав Сергеевич, лаборатория биоразнообразия и экологии, Обособленное структурное подразделение "Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета", младший научный сотрудник.