


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

САЕ Институт «Умные материалы и технологии»

УТВЕРЖДАЮ:
Директор САЕ Институт «Умные
материалы и технологии»


И. А. Курзина

« 20 » декабря 2023г.

Оценочные материалы по дисциплине

Практикум по биоинформатике

по направлению подготовки

19.04.01 Биотехнология

Направленность (профиль) подготовки:

Молекулярная инженерия

Форма обучения

Очная

Квалификация

Магистр

Год приема

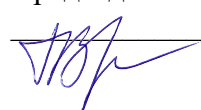
2024

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП


И.А. Курзина

Председатель УМК


Г.А. Воронова

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

ОПК-2. Способен использовать специализированное программное обеспечение, базы данных, адаптировать известные программные продукты, элементы искусственного интеллекта для решения задач профессиональной деятельности.

ОПК-3. Способен разрабатывать алгоритмы и участвовать в разработке программ в сфере своей профессиональной деятельности

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИОПК-2.3. Использует современные вычислительные методы для обработки данных, моделирования свойств веществ (материалов) и процессов с их участием

ИОПК-3.1. Принимает участие в разработке программ для практического применения в сфере своей профессиональной деятельности.

ИОПК-3.2. Разрабатывает алгоритмы для практического применения в сфере своей профессиональной деятельности

2. Оценочные материалы текущего контроля и критерии оценивания

Элементы текущего контроля:

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

Устный опрос (ИОПК-2.3)

Примеры тем для устного опроса

1. Что такое мусорная ДНК
2. Псевдогены, их классификация
3. Полиморфизм ДНК
4. Кодированные и некодирующие РНК
5. Как найти открытую рамку считывания
6. Как выявить белковых партнеров
7. Мутации, их классификация

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 (ИОПК 2.3; ИОПК 3.1; ИОПК 3.2)

Пример индивидуального задания по теме «Моделирование 3D-структуры белков на сервере AlphaFold»

Алгоритм моделирования:

- В Google написать запрос Alpha Fold Collab.
- Заходим в ссылку Google Collaboration

- Вводим в окно первичную последовательность белка, структуру, которого хотим предсказать в формате Fasta. Первичную структуру белка можем взять с базы Uniprot.
- После в блокноте Google Collab нажимаем опцию выполнить все и ожидаем результатов предсказания. По завершению процесса, происходит автоматическое скачивание данных предсказания, а также pdb файлы предсказанных структур.
- Выбираем структуру, которая имеет большую точность предсказания по метрическому показателю PLDDT
- Открываем pdb файл нашей модели с использованием инструментария молекулярного редактирования PyMol и экспортируем этот же файл в нужную нам рабочую директорию (это необходимо, чтобы корректно завершить конвертацию файла, в противном случае, некоторые программы могут не распознавать наш файл.)
 - Файл pdb с нашим белком готов к использованию.
 - Оценка результатов моделирования.

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 (ИОПК 2.3; ИОПК 3.1; ИОПК 3.2)

Примеры тестовых заданий

1. Программа для молекулярного докинга
 - a. AutoDock
 - b. BLAST
 - c. SWISS-MODEL
 - d. BioEdit
 - e. Clustal
2. Докинг, при котором длины связей, углы и торсионные углы партнеров докинга остаются неизменными в процессе моделирования
 - a. Жесткий
 - b. Гибкий
 - c. Однократный
 - d. Последовательный
3. Докинг, при котором разрешается вращение вокруг каких-либо связей в молекуле самого лиганда. Белок при этом остается «жесткой» структурой
 - a. Гибкий
 - b. Жесткий
 - c. Однократный
 - d. Последовательный
4. Область практического применения молекулярного докинга в медицине
 - a. Компьютерный дизайн лекарств
 - b. Исследования механизмов действия рецепторов;
 - c. Поиск лигандов для факторов транскрипции и прочих регуляторных белков.
 - d. очистка вод, грунтов и атмосферы с использованием ферментов
5. На каком принципе основано моделирование пространственного строения белка
 - a. Структурная гомология
 - b. Гомология последовательностей
 - c. Основная догма молекулярной биологии

- d. Схожесть структур
- e. Идентичность структур
- 6. Первый шаг в моделировании пространственной структуры белка
 - a. Поиск аминокислотной последовательности в банках белков
 - b. Поиск белка шаблона с помощью алгоритма BLAST
 - c. Моделирование на сервере SWISS-MODEL
 - d. Оценка качества модели
- 7. Последовательность аминокислот в полипептидной цепи это
 - a. Первичная структура белка
 - b. Вторичная структура белка
 - c. Третичная структура белка
 - d. Четвертичная структура белка
- 8. Спирализация полипептидной цепи это
 - a. Вторичная структура белка
 - b. Первичная структура белка
 - c. Третичная структура белка
 - d. Четвертичная структура белка
- 9. Упаковка полипептидной белки в глобулу это
 - a. Третичная структура белка
 - b. Первичная структура белка
 - c. Вторичная структура белка
 - d. Четвертичная структура белка
- 10. Ассоциация нескольких белковых глобул в функционально единую молекулу это
 - a. Четвертичная структура белка
 - b. Первичная структура белка
 - c. Вторичная структура белка
 - d. Третичная структура белка

Критерии оценивания:

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

Реферат (ИОПК 2.3; ИОПК 3.1; ИОПК 3.2)

Примерные темы рефератов:

- Пространственная транскриптомика рака полости рта
- Транскриптомика опухолевых гибридных клеток на уровне единичных клеток
- Транскриптомика циркулирующих опухолевых клеток на уровне единичных клеток
- Мутационный ландшафт рака лёгкого
- Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) герминальных вариантов с риском метастазирования и рецидивирования рака лёгкого
- Дизайн олигонуклеотидов для гибридизационного обогащения ДНК-последовательностей
- Биоинформатический анализ публичных данных TCGA

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 зачтенной 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 в третьем семестре проводится устной форме по билетам. Продолжительность зачета 1,5 часа.

Билет содержит 3 вопроса, проверяющие ИОПК 2.3; ИОПК 3.1; ИОПК 3.2.

Примерный перечень теоретических вопросов

1. Перечислите функциональные элементы генома
 2. Дайте анализ первичной структуры ДНК и её функции. Проект ENCODE.
 3. Перечислите различные базы данных по генам.
 4. Укажите классификацию псевдогенов. Опишите механизмы функционального действия процессированных псевдогенов.
 5. Опишите регуляторные участки в геноме: промотор, ТАТА-бокс, энхансер, сайленсер, инсулятор.
 6. Опишите повторяющиеся последовательности в ДНК. Тандемные повторы: микросателлиты, минисателлиты и сателлиты. Перечислите болезни экспансии тринуклеотидных повторов.
 7. Опишите диспергированные повторы: транспозоны и ретротранспозоны. Открытие мобильных элементов.
 8. Опишите полиморфизм ДНК.
 9. Опишите функционирование вторичной структуры ДНК. G-квадруплексы в промоторах и теломерах.
 10. Укажите основные ресурсы для анализа функциональных элементов генома
 11. Сервер NCBI. Укажите основные базы данных расположенные на нём: GenBank, Genome, Gene, dbSNP,
 12. Опишите базы данных dbEST, UniGene, PubMed, OMIM, Protein, и другие. Запросы онлайн.
 13. Опишите геномные баузеры: MapView, USCS, ensemble.
 14. Напишите устройство и пользование баузером USCS. Опишите создание индивидуальных сессий. Обмен информацией в сессиях. Сборки геномов.
 15. Опишите трэки, управление и настройки трэков. Трэк гены. Сравнение различных аннотаций генов человека.
 16. Опишите трэки мРНК и EST. Совместный анализ трэков гены, мРНК и EST.
 17. Опишите анализ структуры локуса генома человека.
 18. Опишите кодирующие и некодирующие РНК. lncRNA, miRNA.
 19. Опишите псевдогены. Повторяющиеся последовательности. Семейство Alu
 20. Опишите экспрессионный анализ. Анализ данных микрочипов Affymetrix.
- Устройство пробсета. База данных BioGPS.
21. Опишите анализ данных RNAseq разных проектов. Количественный и качественный анализ. Как проходит выбор вида представления данных?
 22. Укажите данные проекта Fantom5.
 23. Опишите регуляцию с помощью miRNA. CLASH data.

24. Опишите антисмысловые взаимодействия.
25. Опишите транскрипционные факторы.
26. Опишите Гистоновые модификации. Метилирование. Чувствительность к ДНКазам.
27. Как проводится поиск открытой рамки считывания. Определение белковых изоформ продукта. Анализ доменной структуры белка.
28. Опишите онлайн инструменты: CDS, CDART. База данных Pfam.
29. Как происходит выявление белковых партнёров. Пост-трансляционные модификации белка.
30. Как происходит предсказание функции белка на основе его взаимодействий с белками-партнерами. Анализ данных базы «IntAct Molecular Interaction Database».
31. Как происходит анализ клеточных путей. База данных neXtProt. Данные проекта «The human protein atlas». PeptideAtlas. Uniprot.
32. Опишите сравнительно-геномный анализ локуса.
33. Опишите консервативность гена, эволюция локуса. Ортологи, паралоги, гомологи. Анализ генов паралогов в геноме человека.
34. Опишите особенности анализа экспрессии генов в опухолях и при исследовании хронических заболеваний человека База данных GEO. Датасеты, их устройство. Депонирование данных. Инструменты для анализа данных. GEO2R.

Критерии оценивания

Оценка отлично (5 баллов) - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины, проявляющему интерес к данной предметной области, продемонстрировавшему умение уверенно и творчески применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.

Оценка хорошо (4 балла) - выставляется студенту, если он грамотно и по существу излагает материал, умеет применять полученные знания на практике, но недостаточно грамотно обосновывает полученные результаты.

Оценка удовлетворительно (3 балла) - выставляется студенту, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, недостаточно правильные формулировки базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, но при этом он освоил основные разделы учебной программы, необходимые для дальнейшего обучения, и может применять полученные знания по образцу в стандартной ситуации.

Оценка неудовлетворительно (2 балла) - выставляется студенту, который не знает большей части основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубые ошибки в формулировках основных принципов и не умеет использовать полученные знания при решении типовых задач.

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

Тестирование.

1. Определение молекулярного докинга

- a. Это вычислительный метод предсказания взаимного положения, ориентации и конформаций двух молекул, образующий супрамолекулярный комплекс.
- b. Это экспериментальный метод предсказания взаимного положения, ориентации и конформаций двух молекул, образующий супрамолекулярный комплекс.
- c. Метод позволяющий предсказать устойчивую для образования комплекса ориентацию молекулы.

2. **Докинг, при котором разрешается вращение вокруг каких-либо связей в молекуле самого лиганда. Белок при этом остается «жесткой» структурой**
 - a. Гибкий
 - b. Жесткий
 - c. Однократный
3. **ДНК полиморфизм – это**
 - a. Понятие из объектно-ориентированного программирования, которое позволяет разным сущностям выполнять одни и те же действия.
 - b. Существование в популяции двух или большего числа альтернативных форм (аллелей) определенного локуса хромосомы (гена)
 - c. Полиморфный признак, выявляемый методами молекулярной биологии на уровне нуклеотидной последовательности ДНК, для определенного гена или для любого другого участка хромосомы при сравнении различных генотипов, особей, пород, сортов, линий.
4. **Упаковка полипептидной белки в глобулу это**
 - a. Третичная структура белка
 - b. Первичная структура белка
 - c. Вторичная структура белка
5. **Третичная структура белков- это**
 - a. Пространственное расположение полипептидной цепи белка на отдельных ее участках в виде спирали или слоя (листа).
 - b. Это компактная, трехмерная упаковка белковой цепи в пространстве.
 - c. Строго определенная последовательность аминокислотных остатков в линейной полипептидной цепи.
6. **Первичная структура белка- это**
 - a. Пространственное расположение полипептидной цепи белка на отдельных ее участках в виде спирали или слоя (листа).
 - b. Это компактная, трехмерная упаковка белковой цепи в пространстве.
 - c. Строго определенная последовательность аминокислотных остатков в линейной полипептидной цепи.
7. **Вторичная структура белка- это**
 - a. Пространственное расположение полипептидной цепи белка на отдельных ее участках в виде спирали или слоя (листа).
 - b. Это компактная, трехмерная упаковка белковой цепи в пространстве.
 - c. Строго определенная последовательность аминокислотных остатков в линейной полипептидной цепи.
8. **Программа для молекулярного докинга**
 - a. AutoDock
 - b. BLAST
 - c. SWISS-MODEL
9. **Мусорная ДНК-это**
 - a. Части геномной ДНК организмов, которые кодируют последовательности белков.
 - b. Состоит из сложных, часто повторяющихся последовательностей генетического кода и участвует в кодировании белков
 - c. Части геномной ДНК организмов, которые не кодируют последовательности белков.
10. **Область практического применения молекулярного докинга в медицине**
 - a. Компьютерный дизайн лекарств
 - b. Исследования механизмов действия рецепторов;
 - c. Поиск лигандов для факторов транскрипции и прочих регуляторных белков.

Ответы к тесту определения остаточный знаний	
№	ответ
1	a
2	c
3	b
4	a
5	b
6	c
7	a
8	a
9	c
10	c

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.