

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

САЕ Институт «Умные материалы и технологии»

УТВЕРЖДАЮ:

Директор

  
И.А. Курзина

« 05 »  2024 г.



Оценочные материалы по дисциплине

**Биоинформатика**

по направлению подготовки

**19.03.01 Биотехнология**

Направленность (профиль) подготовки:

**«Молекулярная инженерия»**

Форма обучения

**Очная**

Квалификация

**Бакалавр**

Год приема

**2025**

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП

  
И.А. Курзина

Председатель УМК

  
Г.А. Воронова

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

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

–ОПК-2– способен осуществлять поиск, хранение, обработку и анализ профессиональной информации из различных источников и баз данных, представлять ее в требуемом формате с использованием информационных, компьютерных и сетевых технологий, включая проведение расчетов и моделирование, с учетом основных требований информационной безопасности;

–ПК-1–Способен к участию в проведении научно-исследовательской работы в своей профессиональной деятельности.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИОПК-2.3. Представляет результаты информационного поиска с использованием пакетов специализированных программ;

ИПК-1.2. Анализирует полученные данные и представляет результаты научных исследований по установленной форме

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

Элементы текущего контроля:

- выполнение лабораторных работ

### **2.1 Лабораторные работы (ИОПК -2.3, ИПК-1.2).**

Лабораторная работа 1. Работа с Entrez Gene/Sequence viewer

1. Найдите полное название и синонимы гена BRCA1 человека.
2. Где расположен ген (хромосома, положение)?
3. Опишите участок генома в районе гена BRCA1. Какие гены и генетические элементы расположены поблизости?
4. Сколько экзонов у гена BRCA1? Сколько интронов? Какие особенности не кодирующих районов вы видите?
5. Сколько альтернативных транскриптов кодирует этот ген?
6. С какими заболеваниями ассоциирован этот ген?
7. С какими белками взаимодействует белок BRCA1?
8. Какую молекулярную функцию имеет белок BRCA1?
9. С какими биологическими процессами ассоциирован?
10. В каких клеточных компартментах работает?
11. Какой идентификатор RefSeq имеет первая изоформа BRCA1 (мРНК)?
12. Какой идентификатор RefSeq имеет первая изоформа BRCA1 (белок)?
13. Что вы узнали о функциях и значимости этого гена из Entrez Gene?

Лабораторная работа 2. BLAST.

1. Геномный полипротеин полиовируса состоит из 2209 аминокислотных остатков. При поиске гомологов этого полипротеина программой BLAST в банке данных, состоящей из белков семейства Caliciviridae, получено выравнивание, включающее остатки 1243–1368 полипротеина полиовируса, при этом BLAST сообщает следующие характеристики выравнивания: «Score 61.2 bits(147) Expect 2e-09». Каковы будут характеристики того же выравнивания, если на поиск по тому же банку отправить не весь полипротеин, а его фрагмент, состоящий из остатков с 1200 по 1420 включительно?

2. Предположим, что в результате поиска программой BLAST найдено

выравнивание, не содержащее гэпов. Если повторить поиск, увеличив вдвое штрафы за открытие и удлинение гэпа и не меняя остальных параметров, то как изменятся вес, вес в битах и E-value того же выравнивания?

*Критерии оценивания:*

Критерии оценивания	Оценка
- полный ответ на поставленные вопросы	5 (зачтено)
- частичный ответ на поставленные вопросы	4 (зачтено)
- неполный ответ на поставленные вопросы	3 (зачтено)
- невыполнение поставленных практических задач	Не зачтено

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

Экзамен в четвертом семестре проводится в устной форме. Продолжительность экзамена 1,5 часа.

Билет содержит 2 теоретических вопроса, проверяющие ИОПК-2.3 и ИПК-1.2.

Примеры вопросов:

1 Биоинформатика как наука. Виды биологических последовательностей. Источники. Биоинформатические базы данных.

2 Связь биоинформатики и молекулярной биотехнологии.

3 Установка и использование программ для графического построения двумерных и трехмерных моделей молекул на примере программ Symix-Draw и HyperChem

4 Основы использования библиотек структур для построения двумерных моделей молекул. Работа с базами данных NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene). Базы данных UniProt, KEGG, GeneOntology и EMBL. Базы данных с информацией по биологической активности низкомолекулярных соединений и лекарств PubChem, ChEMBL, DrugBank и ClinicalTrials.gov.

5 Парное выравнивание. Матрицы замен. BLAST, PSI-BLAST. /Лек/.

6 Основы компьютерного конструирования лекарственных препаратов. Обзор основных компьютерных программ для ввода структурной информации (ISIS Draw, HyperChem)

7 Построение трехмерной модели молекулы. (HyperChem) Поиск минимально-энергетической конформации (HyperChem).

8 Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM

9 Филогенетический анализ и молекулярная эволюция.

10 Структурная биоинформатика.

11 Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием UGene Изучение свойств белковых молекул при помощи программы UGene.

12 Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе. Минимизация энергии. Молекулярный докинг. /Пр/.

13 Биоинформатические подходы к анализу РНК. Экспрессия генов: анализ микроэрейных данных.

14. Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.

15 Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.

16 Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.

17 NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.

18 Биоинформатика в медицинских исследованиях и клинике.

19 Рациональный дизайн лекарственных препаратов.

20 Анализ качества данных секвенирования. Сборка генома.

21 Геномные браузеры UCSC, BLAT, Ensembl, Affymetrix Integrated Genome Browser (IGB). Принципы поиска экзонов и интронов. Поиск ORF (открытых рамок считывания).

22 Прогнозирование биологической активности химических соединений.

Результаты экзамена определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно».

– 5 (*отлично*) – студент показывает глубокие осознанные знания по освещаемому вопросу, владение основными понятиями, терминологией; владеет конкретными знаниями, умениями по данной дисциплине.

– 4 (*хорошо*) – студент показывает глубокое и полное усвоение содержания материала, умение правильно и доказательно излагать программный материал; допускает отдельные незначительные неточности в форме и стиле ответа.

– 3 (*удовлетворительно*) – студент понимает основное содержание учебной программы, умеет показывать практическое применение полученных знаний. Вместе с тем допускает отдельные ошибки, неточности в содержании и оформлении ответа; ответ недостаточно последователен, доказателен и грамотен;

– 2 (*неудовлетворительно*) – студент имеет существенные пробелы в знаниях, допускает ошибки, неточности в содержании рассказываемого материала, не выделяет главного, существенного в ответе. Ответ поверхностный, бездоказательный, допускаются речевые ошибки.

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

**Пример тестовых вопросов (ИОПК-2.3, ИПК-1.2.):**

1. Объекты исследования биоинформатики:

а) Параметры сердечного ритма и их математическое моделирование

**б) Последовательности ДНК и белков**

в) Электрические явления головного мозга

2. Что относится к задачам биоинформатики:

**а) Изучение и восстановление эволюционных событий, филогения, структурный и функциональный анализ и аннотация ДНК и белков**

б) Математическое и IT сопровождение работы медико-биологических учреждений

в) Изучение информационных полей организма человека

3. FlyBase – это:

а) База данных биоразнообразия

**б) База данных модельного организма**

в) Литературная база данных

4. Множественное выравнивание последовательностей днк осуществляет программа:

а) BLAST

б) MegAlign

**в) Protean**

5. Ортологи – это...

**а) гомологичные последовательности, образовавшиеся в результате события видообразования**

б) гомологичные последовательности, возникшие при горизонтальном переносе генов

в) гомологичные гены, образовавшиеся в результате события дупликации

### **Информация о разработчиках**

Ямщиков Павел Сергеевич, биоинформатик, Лаборатория биологии опухолевой прогрессии, НИИ онкологии, ТНИМЦ.