

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

САЕ Институт «Умные материалы и технологии»

УТВЕРЖДЕНО:
Директор
И. А. Курзина

Оценочные материалы по дисциплине

Биоинформатика

по направлению подготовки

04.04.01 Химия

27.04.05 Инноватика

Направленность (профиль) подготовки:

Молекулярная инженерия

Форма обучения

Очная

Образовательная степень

Магистр

Квалификация

Инженер-исследователь

Год приема

2024

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-1. Способен выполнять комплексные экспериментальные и расчетно-теоретические исследования в профессиональной области с использованием современного научного оборудования.

ОПК-2. Способен анализировать, интерпретировать, обобщать результаты экспериментальных и расчетнотеоретических работ в профессиональной области.

ПК-1. Способен планировать работу и выбирать адекватные методы решения научно-исследовательских и/или производственных задач в профессиональной области.

ПК-2. Способен к решению профессиональных производственных задач.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

РООПК-1.1. Знает основные теоретические положения, экспериментальные и расчетные методы, применяемые в профессиональной области.

РООПК-1.2. Знает теоретические основы инструментальных методов исследования веществ и материалов.

РООПК-2.1. Знает основные требования к методам обработки результатов экспериментальных и расчетно-теоретических работ в профессиональной области.

РООПК-2.2. Умеет анализировать, интерпретировать и обобщать данные, представленные в литературе и полученные в результате проведенных исследований в профессиональной области.

РОПК-1.1. Умеет разрабатывать стратегию научных исследований, составлять общий план и детальные планы отдельных стадий.

РОПК-1.2. Умеет выбирать экспериментальные и расчетнотеоретические методы решения поставленной задачи, используя достижения современной науки, исходя из имеющихся материальных, информационных и временных ресурсов.

РОПК-1.3. Умеет использовать современное оборудование для получения и интерпретации достоверных результатов исследования, применяя взаимодополняющие методы исследования.

РОПК-2.1. Анализировать имеющиеся нормативные документы по системам стандартизации, разработки и производству химической и биотехнологической продукции и предлагать технические средства для решения поставленных задач.

2. Оценочные материалы текущего контроля и критерии оценивания

Элементы текущего контроля:

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

Устный опрос (ИОПК-1.1, ИОПК-2.2)

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 (ИОПК-1.1, ИОПК-2.2, ИОПК-2.3)

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

1. Знакомство с Национальным центром биотехнологической формации 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 (ИОПК-1.1, ИОПК-2.2, ИОПК-2.3)

1. Кто первым дал определение биоинформатики
 - a. Полина Хогеверг
 - 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 Хогеверг
 - 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 (-мик)

- 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

Критерии оценивания:

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

Реферат (ИОПК-1.1, ИОПК-2.2)

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 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 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 Хогеверг
 - 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 Хогеверг
 - 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 (ИОПК-1.1, ИОПК-2.2, ИОПК-2.3)

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.