

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

Институт «Умные материалы и технологии»

УТВЕРЖДЕНО:
Директор Института «Умные
материалы и технологии»
И.А. Курзина

Оценочные материалы по дисциплине

Биоинформатика

по направлению подготовки

27.03.05 Инноватика

Направленность (профиль) подготовки:
**Tomsk International Science Program, с профессиональным модулем Молекулярная
инженерия / Molecular Engineering**

Форма обучения
Очная

Квалификация
Инженер

Год приема
2024

СОГЛАСОВАНО:
Руководитель ОП
И.А. Курзина

Председатель УМК
Г.А. Воронова

Томск – 2024

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

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

– ОПК-1 – Способен формулировать и анализировать задачи профессиональной деятельности на основе знаний естественных, математических и технических наук, с учетом требований законодательства.

– ОПК-3 – Способен применять современные информационные компьютерные технологии, обрабатывать и использовать новую информацию в предметной области

– ПК-2. Способен решать профессиональные задачи на основе знаний в сфере биотехнологии и молекулярной инженерии на основе знаний естественных, математических и технических наук, а также математических методов и моделей.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

РООПК-1.1. Знает основные положения и законы естественных, математических и технических наук, нормативы, регулирующие научную и производственную деятельность.

РООПК-1.2. Умеет анализировать исходные данные в профессиональных задачах на основе знаний естественных, математических и технических наук, нормативов, регулирующих научную и производственную деятельность.

РООПК-3.2. Умеет осваивать и применять современные информационные компьютерные технологии, программы и среды для обработки и получения информации в профессиональной сфере.

РОПК-2.1. Знает существующие подходы к решению профессиональных задач, в том числе на основе математических методов и моделей.

2. Оценочные материалы текущего контроля и критерии оценивания

Элементы текущего контроля:

– практическая работа.

2.1 Задания для практической работы (РООПК-1.1, РООПК-1.2, РООПК-3.2, РОПК-2.1):

а) 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?

б)

1. Геномный полипротеин полиовируса состоит из 2209 аминокислотных остатков. При поиске гомологов этого полипротеина программой BLASTP 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?

Метод рекомендации по выполнению:

При выполнении практической работы следует придерживаться следующего алгоритма действий:

1. постановка проблемы и поиск путей ее решения (в ходе обсуждения и самостоятельной работы);
2. подготовка и отбор необходимой информации в сети Интернет или литературных источниках, рекомендованных преподавателем;
3. подготовка отчета по проделанной работе
4. представление результатов преподавателю, обсуждение.

Критерии оценивания	Оценка
- полный ответ на поставленные вопросы и	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

3.1 Вопросы экзамена (РООПК-1.1, РООПК-1.2, РООПК-3.2, РОПК-2.1):

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 визуализации 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)

1. Какова основная задача биоинформатики?

- + А) Анализ и интерпретация биологических данных
- В) Проведение экспериментов в лаборатории
- С) Изучение исторических данных

2. Какой метод является одним из ключевых в биоинформатике?

- + А) Алгоритмический анализ данных
- В) Классические эксперименты в биологии
- С) Социологические исследования

3. Какой тип данных чаще всего используется в биоинформатике?

- + А) Генетические последовательности
- В) Экономические данные
- С) Исторические документы

4. Какой из данных направлений является областью интереса биоинформатики?

- + - А) Геномика
 - В) Астрономия
 - С) Социология
5. Какова главная задача в области протеомики?
- + А) Исследование всех белков организма
 - В) Изучение всех клеток организма
 - С) Анализ исторических событий
6. Какой метод часто используется для анализа биологических данных?
- + А) Моделирование
 - В) Интервью
 - С) Опрос
7. Что представляет собой база данных последовательностей?
- + А) Хранилище биологических данных
 - В) Система бухгалтерского учета
 - С) Архив исторических документов
8. Какое программное обеспечение используется для поиска последовательностей в базах данных?
- + А) BLAST
 - В) Excel
 - С) PowerPoint
9. Какой ключевой элемент данных содержится в базе данных последовательностей?
- + А) Нуклеотидные последовательности
 - В) Социальные данные
 - С) Финансовые отчеты
10. Что изучает молекулярная филогения?
- + А) Эволюционные отношения между организмами
 - В) Социологические изменения в обществе
 - С) Экономическое развитие стран
11. Какой метод часто используется для построения филогенных деревьев?
- + А) Методы максимального правдоподобия
 - В) Опросы населения
 - С) Анализ статистики
12. Какой тип данных является важным для анализа филогении?
- + А) Генетические последовательности
 - В) Маркетинговые исследования
 - С) Метеорологические данные
13. Что изучает транскриптомика?
- + А) РНК-экспрессию в клетках
 - В) Уровень экономики
 - С) Социальные взаимодействия
14. Какой метод используется для изучения транскриптома?
- + А) Секвенирование RNA
 - В) Микроскопия
 - С) Опросы
15. Какой из перечисленных элементов является частью транскриптома?
- + А) Messenger RNA (мРНК)
 - В) ДНК
 - С) Протеин
16. Какой аспект изучает протеомика?
- + А) Структуру и функцию белков
 - В) Уровень загрязнения окружающей среды
 - С) Исторические факты

17. Какой метод используется для идентификации белков?
- + А) Масс-спектрометрия
 - В) Опросная анкета
 - С) Статистический анализ
18. Как называется полное содержание белков в клетке или организме?
- + А) Протеом
 - В) Геном
 - С) Соматика

Информация о разработчиках

Мохаммад Амджад Наваз, профессор, Научно-образовательный центр Передовая инженерная школа «Агробиотек»