

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

Институт биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства
(Биологический институт)

УТВЕРЖДЕНО:
Директор
Д. С. Воробьев

Оценочные материалы по дисциплине

Информационные технологии в естественных науках

по направлению подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль) подготовки:
Биоремедиация и мониторинг

Форма обучения
Очная

Квалификация
Магистр

Год приема
2025

СОГЛАСОВАНО:
Руководитель ОП
Ю.А. Франк

Председатель УМК
А.Л. Борисенко

Томск – 2025

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

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

– ОПК-1 – Способен использовать и применять фундаментальные биологические представления и современные методологические подходы для постановки и решения новых нестандартных задач в сфере профессиональной деятельности;

– ОПК-6 – Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок;

– ОПК-7 – Способен в сфере своей профессиональной деятельности самостоятельно определять стратегию и проблематику исследований, принимать решения, в том числе инновационные, выбирать и модифицировать методы, отвечать за качество работ и внедрение их результатов, обеспечивать меры производственной безопасности при решении конкретной задачи;

– ОПК-8 – Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности;

– ПК-2 – Способен проводить основные этапы полевых и лабораторных исследований в соответствии с профилем (направленностью) магистерской программы.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИОПК-1.3 Применяет общие и специальные представления, методологическую базу биологии и смежных наук при постановке и решении новых нестандартных задач в сфере профессиональной деятельности;

ИОПК-6.2 Использует компьютерные технологии и профессиональные базы данных при планировании профессиональной деятельности, обосновывает их выбор;

ИОПК-6.3 Профессионально оформляет и представляет результаты новых разработок;

ИОПК-7.4 Критически анализирует результаты исследований, оценивает их достоверность, выделяет теоретическую и практическую значимость;

ИОПК-8.2 Применяет современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику при решении стандартных и инновационных задач в профессиональной деятельности;

ИПК-2.3 – Описывает, обобщает и делает выводы на основе результатов исследования, в том числе с помощью современных компьютерных технологий

2. Оценочные материалы текущего контроля и критерии оценивания

Элементы текущего контроля:

– доклады;

– тест;

– семинар;

ИОПК-6.3 Профессионально оформляет и представляет результаты новых разработок;

ИОПК-7.4 Критически анализирует результаты исследований, оценивает их достоверность, выделяет теоретическую и практическую значимость;

ИПК-2.3 – Описывает, обобщает и делает выводы на основе результатов исследования, в том числе с помощью современных компьютерных технологий

Подготовить краткий доклад по научной статье, в которой рассматриваются вопросы геномных, метагеномных или протеомных исследований. Работа должна быть

опубликованной не раньше 3х лет. Выбрать научную работу, объяснить её актуальность, описать применяемые методы, оценить их результативность и научный вклад.

Критерии оценивания:

В ходе доклада студент должен продемонстрировать уровень сформированности всех предусмотренных программой дисциплины компетенции (оценивается каждый индикатор компетенции: наличие сформированной компетенции – 1 балл, отсутствие – 0 баллов).

Оценка задания складывается из оценивания (по пятибалльной системе) следующих критериев: полнота подготовленной информации, умение держаться в рамках темы, отвечать на вопросы слушателей, наглядность презентации.

Тестирование проводится один раз за семестр.

Примерные варианты теста:

ИОПК-1.3 Применяет общие и специальные представления, методологическую базу биологии и смежных наук при постановке и решении новых нестандартных задач в сфере профессиональной деятельности;

ИОПК-6.2 Использует компьютерные технологии и профессиональные базы данных при планировании профессиональной деятельности, обосновывает их выбор;

ИОПК-8.2 Применяет современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику при решении стандартных и инновационных задач в профессиональной деятельности;

1. Вычислите коэффициент пересчета для определения концентрации белка по методу Брэдфорда, используя данные приведённые в таблице. Выберите правильный ответ.

BSA (mg)	оптическая плотность
0	0
10	0,1107
20	0,2518
40	0,386
60	0,4893
80	0,6168

а) 122,93

б) 0,008

в) 0,256

г) 56,45

д) 1,23

Ключи: а)

2. В какой части спектра излучения наблюдается максимум для источника света, чьи характеристики представлены в таблице?

λ	Spectra	λ	Spectra
400	0	560	0,46
410	0	570	0,35
420	0,03	580	0,22
430	0,14	590	0,18
440	0,36	600	0,16
450	0,65	610	0,08
460	0,99	620	0,05

470	1,29	630	0,02
480	1,46	640	0,02
490	1,41	650	0,01
500	1,26	660	0,01
510	0,99	670	0
520	0,71	680	0
530	0,49	690	0
540	0,34	700	0
550	0,42		

- а) Красный
 - б) Жёлтый
 - в) Ультрафиолетовый
 - г) Синий
 - д) Зелёный
- Ключи: г)

3. Какие преимущества имеет метод секвенирования по Сэнгеру, перед ранее предложенными?

- а) Применение терминирующих нуклеотидов
- б) Применение радиоактивных меток
- в) Расщепление цепи ДНК в указанных сайтах
- г) Автоматизация процесса
- д) Чтение длинных фрагментов

Ключи: а),г),д)

4. Какие преимущества и недостатки имеет метод секвенирования Oxford Nanopore в сравнении с методом Сэнгера и Illumina?

- а) Легирование фрагментов ДНК адаптерами для идентификации пробы
- б) Прямое чтение ДНК любой длины
- в) Синтез ДНК в эмульсии
- г) Низкое качество прочтений
- д) Одновременное чтение большого количество образцов

Ключи: б),г)

5. Какой белок закодирован под номером NP_034298.1? Какому организму он принадлежит?

- а) Протромбин
- б) Человек
- в) Кошка
- г) Гемоглобин
- д) Мышь

Ключи: а),д)

6. Расположите в правильном порядке сверху вниз?

- а) Транскрипция
- б) Трансляция
- в) Процессинг

Ключи: а-б-в

7. В какой хромосоме локализован ген ID: 3771877? В какой базе данных необходимо проводить поиск? Какому организму принадлежит этот ген?

- а) База данных PubMed
 - б) Mus musculus
 - в) База данных Protein
 - г) База данных Gene
 - д) Drosophila melanogaster
 - е) Хромосома 7
 - ж) Хромосома 2
 - з) Хромосома 1
- Ключи: г),д),ж)

8. Расположите в порядке увеличения длины

- а) Чтения (reads)
- б) Полный геном (full genome)
- в) Контиг (contiguous)
- г) Скаффолд (scaffold)

Ключи: а-в-г-б

9. Из каких элементов состоит формат записи прочтений FASTA?

- а) Хроматограмма
- б) Служебная информация
- в) Качество
- г) Заголовок
- д) Последовательность

Ключи: г),д)

10. Какая последовательность может быть записана в формате FASTA?

- а) Нуклеотидная
- б) Аминокислотная

Ключи: а),б)

Критерии оценивания: тест считается пройденным, если обучающий набрал минимум 6 баллов.

Примерные темы для семинарских занятий:

– ОПК-8 – Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности;

– ПК-2 – Способен проводить основные этапы полевых и лабораторных исследований в соответствии с профилем (направленностью) магистерской программы.

1. Решение задач с применением специализированного ПО.
2. Анализ и дальнейшая обработка расшифрованной генетической информации.
3. Анализ генетических данных с применением специализированного ПО и баз данных.

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

Промежуточная аттестация по итогам освоения дисциплины проводится в форме тестирования и в устной форме по билетам. Тест содержит 20 вопросов, экзаменационный билет содержит два практических задания.

Примерные варианты теста:

1. Вычислите коэффициент пересчета для определения концентрации белка по методу Брэдфорда, используя данные приведённые в таблице. Выберите правильный ответ.

BSA (mg)	оптическая плотность
0	0
10	0,1107
20	0,2518
40	0,386
60	0,4893
80	0,6168

а) 122,93

б) 0,008

в) 0,256

г) 56,45

д) 1,23

Ключи: а)

2. В какой части спектра излучения наблюдается максимум для источника света, чьи характеристики представлены в таблице?

λ	Spectra	λ	Spectra
400	0	560	0,46
410	0	570	0,35
420	0,03	580	0,22
430	0,14	590	0,18
440	0,36	600	0,16
450	0,65	610	0,08
460	0,99	620	0,05
470	1,29	630	0,02
480	1,46	640	0,02
490	1,41	650	0,01
500	1,26	660	0,01
510	0,99	670	0
520	0,71	680	0
530	0,49	690	0
540	0,34	700	0
550	0,42		

а) Красный

б) Жёлтый

в) Ультрафиолетовый

г) Синий

д) Зелёный

Ключи: г)

3. Какие преимущества имеет метод секвенирования по Сэнгеру, перед ранее предложенными?

- а) Применение терминирующих нуклеотидов
- б) Применение радиоактивных меток
- в) Расщепление цепи ДНК в указанных сайтах
- г) Автоматизация процесса
- д) Чтение длинных фрагментов

Ключи: а),г),д)

4. Какие преимущества и недостатки имеет метод секвенирования Oxford Nanopore в сравнении с методом Сэнгера и Illumina?

- а) Легирование фрагментов ДНК адаптерами для идентификации пробы
- б) Прямое чтение ДНК любой длины
- в) Синтез ДНК в эмульсии
- г) Низкое качество прочтений
- д) Одновременное чтение большого количество образцов

Ключи: б),г)

5. Какой белок закодирован под номером NP_034298.1? Какому организму он принадлежит?

- а) Протромбин
- б) Человек
- в) Кошка
- г) Гемоглобин
- д) Мышь

Ключи: а),д)

6. Расположите в правильном порядке сверху вниз?

- а) Транскрипция
- б) Трансляция
- в) Процессинг

Ключи: а-б-в

7. В какой хромосоме локализован ген ID: 3771877? В какой базе данных необходимо проводить поиск? Какому организму принадлежит этот ген?

- а) База данных PubMed
- б) Mus musculus
- в) База данных Protein
- г) База данных Gene
- д) Drosophila melanogaster
- е) Хромосома 7
- ж) Хромосома 2
- з) Хромосома 1

Ключи: г),д),ж)

8. Расположите в порядке увеличения длины

- а) Чтения (reads)
- б) Полный геном (full genome)
- в) Контиг (contiguous)
- г) Скаффолд (scaffold)

Ключи: а-в-г-б

9. Из каких элементов состоит формат записи прочтений FASTA?

- а) Хроматограмма
- б) Служебная информация
- в) Качество
- г) Заголовок
- д) Последовательность

Ключи: г),д)

10. Какая последовательность может быть записана в формате FASTA?

- а) Нуклеотидная
- б) Аминокислотная

Ключи: а),б)

11. Множественное выравнивание это:

- а) сравнение трёх и более биологических последовательностей с целью выявления консервативных участков
- б) сравнение двух биологических последовательностей с целью выявления консервативных участков
- в) уменьшение длины биологических последовательностей по самой короткой

Ключи: а)

12. Что из перечисленного является методом построения филогенетического дерева

- а) Maximum likelihood
- б) UPGMA
- в) Neighbor joining
- г) Maximum Parsimony
- д) MAFFT

Ключи: а),б),в),г)

13. Какие из перечисленных алгоритмов применяются для множественного выравнивания биологических последовательностей

- а) ClustalW
- б) MAFFT
- в) UPGMA
- г) Muscle
- д) Minimal Evolution

Ключи: а),б),г)

14. Референсная последовательность это:

- а) Последовательность, полученная в результате сборки коротких фрагментов
- б) Фрагмент гена полученный в результате секвенирования
- в) Нуклеотидная или аминокислотная последовательность, которая используется в качестве шаблона для сборки коротких фрагментов

Ключи: в)

15. Протеомика - область молекулярной биологии, посвящённая

- а) Идентификации и количественному анализу фосфолипидов
- б) Идентификации и количественному анализу нуклеиновых кислот
- в) Идентификации и количественному анализу жиров
- г) Идентификации и количественному анализу белков
- д) Идентификации и количественному анализу углеводов

Ключи: г)

16. Число триплетов

- а) равно количеству кодируемых аминокислот
- б) меньше количества кодируемых аминокислот
- в) превышает количество кодируемых аминокислот

Ключи: в)

17. Выравнивание последовательностей - это

- а) технологическая комбинация элементов запроса
- б) определение соответствия между остатками
- в) предварительный генетический анализ
- г) структура, выведенная из координат атомов
- д) сравнение баз данных протеома дрожжей

Ключи: б)

18. Метагеномика изучает

- а) начальные и конечные продукты обмена веществ в клетке
- б) совокупность всех генов из популяции микроорганизмов
- в) совокупность всех исходных, промежуточных и конечных продуктов метаболизма
- г) глюкозные транспортёры
- д) конечные и промежуточные продукты обмена веществ в клетке

Ключи: б)

19. База данных - это

- а) бесконечный объем данных, постоянно управляющийся с помощью СУБД
- б) информация разного типа, которая обычно хранится в электронном виде в компьютерной системе
- в) упорядоченный набор структурированной информации или данных, которые хранятся в электронном виде в компьютерной системе
- г) бесконечный набор аналоговых сигналов, которые обычно хранятся в памяти компьютера
- д) сложная программа, направленная учет входящей информации

Ключи: в)

20. Праймер это

- а) короткий фрагмент нуклеиновой кислоты, комплементарный ДНК- или РНК-мишени
- б) участок гена с которого начинается процесс транскрипции
- в) короткий фрагмент вирусной ДНК или РНК
- г) цепочка из случайного набора нуклеотидных остатков (не более 20)
- д) олигонуклеотид, который служит затравкой для синтеза комплементарной цепи

Ключи: а),д)

Примерные практические задания:

Билет 1	
В таблице приведены значения экстинкции в зависимости от концентрации белка в растворе, полученные методом спектрофотометрии. Необходимо определить коэффициент для пересчёта значений экстинкции в концентрацию.	
BSA (mg)	оптическая плотность
0	0

5	0,21
10	0,36
15	0,45
20	0,59
25	0,7

Для приведённой последовательности гена найти ближайшую гомологичную последовательность, полученную от валидно описанного организма и определить степень гомологии.

ACACATGCAAGTCGTGCGAGAAAGGGACTTCGGTCCTGAGTAGAGCGGCGCACGGGTGAGT AACGCGTGGGTAATCTCCSTTGGTACTGGGATAACAGCGGAAACTGCTGCTAATACCGG ATAATCTTCATGTTAACTAYATGGGGTAAAGGTGGCCTCTGCTTGCAAGCTACCACACCGA GATGAGCCCGCGTCTCATTAGCTAGTTGGTAGGGTAATGGCCTACCAAGGCTACGATGAGTA GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGGAACACGGCCCAGACTCCTACGGGA GGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCTCGTGAGGG ATGAAGGTCTTCGGATCGTAAACCTCTGTCAAGAGGGAAAGAAACCATTGGAGTCGAATAGG CTCSTTTGCTGACGGTACCTCAAAAGGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTA ATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATCACTGGGCGTAAAGCGCTCGTAGGCGGCTTGG TCAGTCAGATGTGAAAGCCCTCGGCTTAACCGGGGAACTGCATTTGATACTGCCAGGCTTGA GTGTGCGGAGAGGGTGGCGGAATTCAGGTGTAGGAGTGAAATCCGTAGATATCTGGAGGAA CACCAGTGGCGAAGGCGGCCACCTGGACGACAACCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGTA GCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAACGATGGATGCTGGGTGTCGGGG GTTTACSTTCGGTGCCGCAGTTAACGCGTTAAGCATCCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGG CTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGTATGTGGTTTAATTCGA TGCAACGCGAAGAACCTTACCTAGGCTTGACATCCTACGAAYCTCTTGAAACTTGAGGGTG CCCTTCGGGGAGCGTAGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGCCGTGAGGTGTT GGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCAGCAAGTGAAGTTGGGCAC TCTAATGAGACTGCCCGGGTCAACCGGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGGC CTTACGCCTAGGGCTACACACGTAACAATGGCAGATACAAAGGGCAGCTAAACCGCGA GGTCAAGCCAATCCCAAAAATCTGTCTCAGTCCGGATTGCAGTCTGCAACTCGACTGCATG AAGCTGGAATCGTAGTAATCCCGGATCAGCATGCCGGGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGT ACACACCGCCCGTACACCACGAAAGCTGGTTTTACCCGAAGCCGGCTGGACTAACCGCAA GGAAGTAGTCGT

Билет 2

В таблице приведены значения экстинкции, полученные в ходе эксперимента по культивированию чистой культуры микроорганизмов. Коэффициент пересчёта равен 0,46. Построить график зависимости изменения концентрации белка в культуральной жидкости от времени культивирования и найти скорость роста.

Длит-ть Культ- ия (ч)	экстинкция	Длит- ть Культ- ия (ч)	экстинкция
0	0,095	8	0,68
1	0,111	8,5	0,764
2	0,101	9	0,814
3	0,128	9,5	0,885
4	0,274	10	0,867

5	0,415	10,5	0,91
5,5	0,507	11	0,987
6	0,53	11,5	0,999
6,5	0,566	12	1,049
7	0,596	12,5	0,942
7,5	0,648	13	0,961

Для приведённой последовательности подобрать 1пару праймеров для ПЦР с максимальным перекрытием. Праймеры должны соответствовать необходимым критериям.

TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTAGAGCAAAGGATAGACAGCGCCCGCGGAG
 CTCGCTCCCGGGGCTACCCTACTCCCGTAGGGTTTAGAGTCGTCGGGCCTCTCGGAGAAGCT
 CGGTCCCTGAACTCCACCSTTGAATAAACTACCTTTGTTGCTTTGGCGGGCCGCCTCGTGCCAG
 CGGCTTCGGCTGTTGAGTGCCCGCCAGAGGACCCCAACTCTTGTTTTTAGTGATGTCTGAGTA
 СТАТАТААТАГТТ

Билет 3

В таблице приведены результаты эксперимента по подсчёту численности особей одной популяции. Необходимо построить график зависимости изменения численности популяции от времени. Определить скорость роста популяции и время удвоения.

месяц	Количество особей	месяц	Количество особей
0	481	8	1301
1	508	9	1433
2	550	10	1534
3	614	11	1606
4	707	12	1654
5	831	13	1685
6	981	14	1704
7	1145	15	1716

Для указанного продуцента определить число хромосом, их объём и количество закодированных белков в каждой хромосоме. Определить в какой хромосоме закодирован целевой продукт, получить его аминокислотную последовательность и подобрать ещё минимум 2 альтернативных вероятных продуцента.

Bacillus subtilis, glutamate dehydrogenase

Билет 4

В таблице приведены значения экстинкции в зависимости от концентрации белка в растворе, полученные методом спектрофотометрии. Необходимо определить коэффициент для пересчёта значений экстинкции в концентрацию.

BSA (mg)	оптическая плотность
0	0
5	0,21
10	0,36
15	0,45
20	0,59
25	0,7

Для приведённой последовательности гена построить филогенетическое дерево методом «ближайшего соседа». Дерево должно содержать минимум 5 гомологов и иметь минимум 2 достоверных узла.

AGTTTGCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGT AACAGGAAGCAGCTTGCTGCTTTGCTGACGAGTGGCGGACGGGTGAGTAATGTCTGGGAAA CTGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAACCGGTAGCTAATACCGCATAACGTCGCAAGC ACAAAGAGGGGGACCTTAGGGCCTCTTGCCATCGGATGTGCCAGATGGGATTAGCTAGTA GGTGGGGTAACGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCAAC ACTGGAACCTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAAT GGGCGCAAGCCTGATGCAGCCATGCNCGGTGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTAC TTTCAGCGGGGAGGAAGGGAGTAAAGTTAATACCTTTGCTCATTGACGTTACCCGCAGAAGA AGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGA ATACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGGCGGTTTGTAAAGTCAGATGTGAAATCCCCGGGCTCA ACCTGGGAACCTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCAG GTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCCCTGGA CGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGT CCACGCCGTAACGATGTGACTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGANNTAAC GCGTTAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACTCAAATGAATTGACGGG GGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTC TTGACATCCACGGAAGTTTTTCAGAGATGAGAATGTGCCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCT GCATGGCTGTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCC TTATCCTTTGTTGCCAGCGGTCCGGCCGGGAACCTCAAAGGAGACTGCCAGTGATAAACTGGA GGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGACCAGGGCTACACACGTGCTAC AATGGCGCATACAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGGACCTCATAAAGTGCGTTCGT AGTCCGGATTGGAGTCTGCAACTCGACTCCATGAAGTCGGAATCGTAGTAATCGTGGATCA GAATGCCACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCATGGGAGTGG GTTGCAAAAAGAAGTAGGTAGCTTAACTTCGGGAGGGCG

Билет 5

В таблице приведены значения экстинкции в зависимости от концентрации белка в растворе, полученные методом спектрофотометрии. Необходимо определить коэффициент для пересчёта значений экстинкции в концентрацию.

BSA (mg)	оптическая плотность
0	0
10	0,21
20	0,36
30	0,45
40	0,59
50	0,7

В папке 2 располагаются результаты прочтений одно гена по методу Сэнгера. Необходимо получить последовательность гена максимальной длины. Найти ближайшую гомологичную последовательность, полученную от валидно описанного организма и определить степень гомологии.

Билет 6

В таблице приведены значения экстинкции в зависимости от концентрации белка в растворе, полученные методом спектрофотометрии. Необходимо определить коэффициент для пересчёта значений экстинкции в концентрацию.

BSA (mg)	оптическая плотность
0	0

	10	0,42
	20	0,52
	30	0,67
	40	0,71
	50	0,92

В папке 1 располагаются результаты прочтений одно гена по методу Сэнгера. Необходимо получить последовательность гена максимальной длины. Найти ближайшую гомологичную последовательность, полученную от валидно описанного организма и определить степень гомологии.

Билет 7

В таблице приведены значения экстинкции, полученные в ходе эксперимента по культивированию чистой культуры микроорганизмов. Коэффициент пересчёта равен 0,671. Построить график зависимости изменения концентрации белка в культуральной жидкости от времени культивирования и найти скорость роста.

Длит-ть Куль- тия (ч)	экстинкция	Длит- ть Куль- тия (ч)	экстинкция
0	0,084	8	0,678
1	0,085	8,5	0,772
2	0,105	9	0,802
3	0,119	9,5	0,864
4	0,281	10	0,912
5	0,42	10,5	0,915
5,5	0,494	11	1,004
6	0,528	11,5	0,987
6,5	0,566	12	1,06
7	0,617	12,5	1,007
7,5	0,638	13	0,96

Для указанного продуцента определить число хромосом, их объём и количество закодированных белков в каждой хромосоме. Определить в какой хромосоме закодирован целевой продукт, получить его аминокислотную последовательность и подобрать ещё минимум 2 альтернативных вероятных продуцента.

Bacillus subtilis, lysophospholipase

Билет 8

В таблице приведены результаты эксперимента по подсчёту численности особей одной популяции. Необходимо построить график зависимости изменения численности популяции от времени. Определить скорость роста популяции и время удвоения.

месяц	Количество особей	месяц	Количество особей
0	581	16	1401
2	608	18	1533
4	650	20	1634
6	714	22	1706
8	807	24	1754
10	931	26	1785
12	1081	28	1804
14	1245	30	1816

Для приведённой последовательности подобрать 1 пару праймеров для ПЦР с

максимальным перекрытием. Праймеры должны соответствовать необходимым критериям.

ATTGAACGCTNNNGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGTGCGAGAAAGGAGACTTCGGCTCC
TGAGTAGAGCGGCGCACGGGTGAGTAACGCGTGGATGATCTACCCTTGAGTACGGAATAAC
GATGGGAAACCGCCGCTAATACCGTATGACAATCCTTTTCAACGAGGGTTCAAAGATGGCCT
CTGCTTGCAAGCTATCGCTTGAGGATGAGTCCGCGTCCCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAATG
GCCCACCAAGGCTACGATGGGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACACTGGAAGTAA
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGGGAAACCCT
GACGCAGCGACGCCGTGTGAGGGAAGAAGGCCTTCGGGTCGTAAACCTCTGTCAGAAGGGA
AGAACCGCCTTGGGTGCAATAGGCTCTAGGCCTGACGGTACCTTCAGAGGAAGCGCCGGCT
AACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGCGCAAGCGTAAATCGGAATCACTGGGC
GTAAAGCGCGCTAGGCTGTTTGATAAGTCAGGCGTGAAATCCCTCGGCTCAACCGGGGAA
CTGCGTTTGATACTGTTAGACTTGAGTTCCGGAGAGGGTGGCGGAATTCCTGGTGTAGGAGT
GAAATCCGTAGATATCAGGAGGAACA

Билет 9

В таблице приведены значения экстинкции в зависимости от концентрации белка в растворе, полученные методом спектрофотометрии. Необходимо определить коэффициент для пересчёта значений экстинкции в концентрацию.

H ₂ S, мг/л	оптическая плотность
1000,2	2,094
666,8	1,614
333,4	0,919
150,03	0,421
116,69	0,318
50,01	0,116
13,336	0,027
6,668	0,014

Для приведённой последовательности гена построить филогенетическое дерево методом «ближайшего соседа». Дерево должно содержать минимум 5 гомологов и иметь минимум 2 достоверных узла.

ACGATGAATAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGGACTGGAACACGGCCAGAC
TCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGGGAAACCCTGACGCAGCGACGC
CATGTGAGGGATGAAGGCTTTCGGGTCGTAAACCTCTGTCAGGAGGGAAGAACAACATTAG
GTCTAATAAACCTTTTGTCTGACGGTACCTCCAGAGGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGC
AGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAGCGTAAATCGGAATTAAGTGGGCGTAAAGCGCGCGTA
GGCGGCGATGTAAGTCAGATGTGAAAGCCCTCGGCTCAACCGGGGAATTGCACTTGATACT
GCATTGCTTGAGTATCGGAGAGGATGGCGGAATTCAGGTGTAGGAGTGAAATCCGTAGAT
ATCTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCCATCTGGACGATAACTGACGCTGAGGTGCGA
AAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAAGTACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGATGGATGCT
AGATGTCGGGCCTTAACCGGTTCCGGTGTGCAAGTTAACGCGATAAGCATCCCCTGGGGAG
TACGGTCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGTATG
TGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGACTTGACATCCTGAGAATCCTCTAG
AAATAGAGGAGTGCCCTTCGGGGAATTGAGTACAGGTGCTGCATGGCTGTGTCAGCTCGT
GCCGTGAGGTGTTGGGTTAAGTCCCAGGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCACA
TAATGGTGGGCACTCTAATGAGACTGCCCGGGTCAACCGGGAGGAAGGTGGGGACGACGTC
AAGTCATCATGGCCCTTACGTCCAGGGCTACACACGTAACAATGGTGGATAACAGAGGGTC
GCGAAGCCGCGAGGTGAAGCCAATCCCAGAAAATCCATCCCAGTCCGGATCGGAGTCTGCA
ACTCGAC

Билет 10

В таблице приведены результаты эксперимента по подсчёту численности особей одной популяции. Необходимо построить график зависимости изменения численности популяции от времени. Определить скорость роста популяции и время удвоения.

месяц	Количество особей	месяц	Количество особей
0	581	8	1401
1	608	9	1533
2	650	10	1634
3	714	11	1706
4	807	12	1754
5	931	13	1785
6	1081	14	1804
7	1245	15	1816

Для указанного продуцента определить число хромосом, их объём и количество закодированных белков в каждой хромосоме. Определить в какой хромосоме закодирован целевой продукт, получить его аминокислотную последовательность и подобрать ещё минимум 2 альтернативных вероятных продуцента.

cystathionine beta-lyase, Listeria monocytogenes

Билет 11

В таблице приведены значения экстинкции в зависимости от концентрации белка в растворе, полученные методом спектрофотометрии. Необходимо определить коэффициент для пересчёта значений экстинкции в концентрацию.

H ₂ S, мг/л	оптическая плотность
1000,2	2,092
666,8	1,621
333,4	0,923
150,03	0,426
116,69	0,318
50,01	0,116
13,336	0,028
6,668	0,016

В папке 3 располагаются результаты прочтений одно гена по методу Сэнгера. Необходимо получить последовательность гена максимальной длины. Найти ближайшую гомологичную последовательность, полученную от валидно описанного организма и определить степень гомологии.

Таблица 1. Шкала сформированности компетенций

Шкала сформированности компетенций	Шкалы оценки результатов промежуточной
---	---

Уровень сформированности компетенции	Компетенции ОПК-1; ОПК-6; ОПК-7; ОПК-8;	аттестации	
		Оценка на экзамене	Оценка на зачете
Высокий Эталонный (планируемый) результат достигнут полностью	В полной мере, точно, правильно, знает <i>предмет, цель, задачи курса. Свободно оперирует терминами и понятиями. Способен правильно подобрать инструмент (метод) для решения поставленной задачи и обосновать сделанный выбор. Умеет анализировать полученные результаты</i>	отлично	зачтено
Средний Результат обучения в основном достигнут, проявляется в большинстве случаев	Допускаются незначительные ошибки. В большинстве случаев, в основном <i>знает предмет, цель, задачи курса. Оперирует терминами и понятиями. Способен правильно подобрать инструмент (метод) для решения поставленной задачи.</i>	хорошо	
Низкий Минимальный приемлемый уровень сформированности результата	Допускаются ошибки. В основном <i>знает в основном знает предмет, цель, задачи курса. Может применять термины и понятия. Имеет представление об алгоритме действия для решения поставленной задачи.</i>	удовлетворительно	
Компетенция не сформирована Соответствующий результат обучения не достигнут	Не способен назвать <i>цель, задачи курса. Не обладает понятийным аппаратом курса. Не может оценить и предложить ход решения поставленной задачи.</i>	неудовлетворительно	не зачтено

Таблица 2. Перевод баллов за тестовое задание в традиционную систему оценивания

Баллы	Оценка	Числовой эквивалент
16,1-20	Отлично	5
14,1-16	Хорошо	4
12-14	Удовлетворительно	3
0-11,9	Неудовлетворительно	2

Устная часть состоит из двух практических заданий. Критерии оценивания ответов: «удовлетворительно» - студент выполнил частично правильно оба задания; «хорошо» - студент выполнил полностью правильно одно задание; «отлично» - студент выполнил правильно оба задания.

Итоговая оценка за экзамен формируется из оценок, полученных за обе части экзамена (тестовая и практическая).

Таблица 3. Формирование итоговой оценки за экзамен

	5	4	3	2
5	отлично	отлично	хорошо	неудовлетворительно
4	отлично	хорошо	удовлетворительно	неудовлетворительно
3	хорошо	удовлетворительно	удовлетворительно	неудовлетворительно

2	неудовлетворительно	неудовлетворительно	неудовлетворительно	неудовлетворительно
---	---------------------	---------------------	---------------------	---------------------

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

1. Вычислите коэффициент пересчета для определения концентрации белка по методу Брэдфорда, используя данные приведённые в таблице. Выберите правильный ответ.

BSA (mg)	оптическая плотность
0	0
10	0,1107
20	0,2518
40	0,386
60	0,4893
80	0,6168

- а) 122,93
- б) 0,008
- в) 0,256
- г) 56,45
- д) 1,23

Ключи: а)

2. В какой части спектра излучения наблюдается максимум для источника света, чьи характеристики представлены в таблице?

λ	Spectra	λ	Spectra
400	0	560	0,46
410	0	570	0,35
420	0,03	580	0,22
430	0,14	590	0,18
440	0,36	600	0,16
450	0,65	610	0,08
460	0,99	620	0,05
470	1,29	630	0,02
480	1,46	640	0,02
490	1,41	650	0,01
500	1,26	660	0,01
510	0,99	670	0
520	0,71	680	0
530	0,49	690	0
540	0,34	700	0
550	0,42		

- а) Красный
- б) Жёлтый
- в) Ультрафиолетовый
- г) Синий
- д) Зелёный

Ключи: г)

3. Какие преимущества имеет метод секвенирования по Сэнгеру, перед ранее предложенными?

- а) Применение терминирующих нуклеотидов
- б) Применение радиоактивных меток
- в) Расщепление цепи ДНК в указанных сайтах
- г) Автоматизация процесса
- д) Чтение длинных фрагментов

Ключи: а),г),д)

4. Какие преимущества и недостатки имеет метод секвенирования Oxford Nanopore в сравнении с методом Сэнгера и Illumina?

- а) Легирование фрагментов ДНК адаптерами для идентификации пробы
- б) Прямое чтение ДНК любой длины
- в) Синтез ДНК в эмульсии
- г) Низкое качество прочтений
- д) Одновременное чтение большого количество образцов

Ключи: б),г)

5. Какой белок закодирован под номером NP_034298.1? Какому организму он принадлежит?

- а) Протромбин
- б) Человек
- в) Кошка
- г) Гемоглобин
- д) Мышь

Ключи: а),д)

6. Расположите в правильном порядке сверху вниз?

- а) Транскрипция
- б) Трансляция
- в) Процессинг

Ключи: а-б-в

7. В какой хромосоме локализован ген ID: 3771877? В какой базе данных необходимо проводить поиск? Какому организму принадлежит этот ген?

- а) База данных PubMed
- б) Mus musculus
- в) База данных Protein
- г) База данных Gene
- д) Drosophila melanogaster
- е) Хромосома 7
- ж) Хромосома 2
- з) Хромосома 1

Ключи: г),д),ж)

8. Расположите в порядке увеличения длины

- а) Чтения (reads)
- б) Полный геном (full genome)
- в) Контиг (contiguous)
- г) Скаффолд (scaffold)

Ключи: а-в-г-б

9. Из каких элементов состоит формат записи прочтений FASTA?

- а) Хроматограмма
- б) Служебная информация
- в) Качество
- г) Заголовок
- д) Последовательность

Ключи: г),д)

10. Какая последовательность может быть записана в формате FASTA?

- а) Нуклеотидная
- б) Аминокислотная

Ключи: а),б)

11. Множественное выравнивание это:

- а) сравнение трёх и более биологических последовательностей с целью выявления консервативных участков
- б) сравнение двух биологических последовательностей с целью выявления консервативных участков
- в) уменьшение длины биологических последовательностей по самой короткой

Ключи: а)

12. Что из перечисленного является методом построения филогенетического дерева

- а) Maximum likelihood
- б) UPGMA
- в) Neighbor joining
- г) Maximum Parsimony
- д) MAFFT

Ключи: а),б),в),г)

13. Какие из перечисленных алгоритмов применяются для множественного выравнивания биологических последовательностей

- а) ClustalW
- б) MAFFT
- в) UPGMA
- г) Muscle
- д) Minimal Evolution

Ключи: а),б),г)

14. Референсная последовательность это:

- а) Последовательность полученная в результате сборки коротких фрагментов
- б) Фрагмент гена полученный в результате секвенирования
- в) Нуклеотидная или аминокислотная последовательность которая используется в качестве шаблона для сборки коротких фрагментов

Ключи: в)

15. Протеомика - область молекулярной биологии, посвящённая

- а) Идентификации и количественному анализу фосфолипидов
- б) Идентификации и количественному анализу нуклеиновых кислот
- в) Идентификации и количественному анализу жиров
- г) Идентификации и количественному анализу белков
- д) Идентификации и количественному анализу углеводов

Ключи: г)

16. Число триплетов

- а) равно количеству кодируемых аминокислот
- б) меньше количества кодируемых аминокислот
- в) превышает количество кодируемых аминокислот

Ключи: в)

17. Выравнивание последовательностей - это

- а) технологическая комбинация элементов запроса
- б) определение соответствия между остатками
- в) предварительный генетический анализ
- г) структура, выведенная из координат атомов
- д) сравнение баз данных протеома дрожжей

Ключи: б)

18. Метагеномика изучает

- а) начальные и конечные продукты обмена веществ в клетке
- б) совокупность всех генов из популяции микроорганизмов
- в) совокупность всех исходных, промежуточных и конечных продуктов метаболизма
- г) глюкозные транспортёры
- д) конечные и промежуточные продукты обмена веществ в клетке

Ключи: б)

19. База данных - это

- а) бесконечный объем данных, постоянно управляющийся с помощью СУБД
- б) информация разного типа, которая обычно хранится в электронном виде в компьютерной системе
- в) упорядоченный набор структурированной информации или данных, которые хранятся в электронном виде в компьютерной системе
- г) бесконечный набор аналоговых сигналов, которые обычно хранятся в памяти компьютера
- д) сложная программа, направленная учет входящей информации

Ключи: в)

20. Праймер это

- а) короткий фрагмент нуклеиновой кислоты, комплементарный ДНК- или РНК-мишени
- б) участок гена с которого начинается процесс транскрипции
- в) короткий фрагмент вирусной ДНК или РНК
- г) цепочка из случайного набора нуклеотидных остатков (не более 20)
- д) олигонуклеотид, который служит затравкой для синтеза комплементарной цепи

Ключи: а),д)

Перевод баллов в традиционную систему оценивания

Баллы	Оценка	Числовой эквивалент
16,1-20	Отлично	5
14,1-16	Хорошо	4
12-14	Удовлетворительно	3
0-11,9	Неудовлетворительно	2
12-20	Зачтено	

Информация о разработчиках

Анциферов Дмитрий Викторович, к.б.н., доцент кафедры ихтиологии и гидробиологии Института биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский Томский государственный университет»

Ссылка на курс в электронной среде обучения ТГУ «iDO»:
<https://lms.tsu.ru/enrol/index.php?id=32044>