

ФГБОУ ВО НОВОСИБИРСКИЙ ГАУ
Кафедра ветеринарной генетики и биотехнологии

Рег. № 375.04-16

« 30 » 08

2023

УТВЕРЖДЕН

на заседании кафедры

Протокол от «25» 05 20 23 г.

№ 5

Заведующий кафедрой


(подпись)

Е.В. Камалдинов

ФОНД
ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

Б1.В.04 Биоинформатика

36.04.02 Зоотехния

Код и наименование направления подготовки (специальности)

Прикладная биоинформатика

Новосибирск 2023

Паспорт фонда оценочных средств

№ п/п	Контролируемые разделы (темы) дисциплины	Код контролируемой компетенции (или ее части)	Наименование оценочного средства
1	<i>Общие вопросы биоинформатики и информационной биологии</i>		
1.1	<i>Уровни организации биологических объектов</i>	УК-1; ПК-2	Опрос
1.2	<i>Интеграция гетерогенных данных в биоинформатике</i>		
2	<i>Анализ и обработка данных молекулярно-генетических исследований</i>		
2.1	<i>Анализ генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам.</i>	УК-1; ПК-2	Опрос
2.2	<i>Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов</i>		
2.3	<i>Транскриптомика</i>		
2.4	<i>Протеомика</i>		
2.5	<i>Алгоритмы молекулярной эволюции. Построение филогенетического дерева.</i>		
2.6	<i>Популяционно-генетический анализ</i>		
	Контрольная работа	УК-1; ПК-2	Задание к контрольной работе
	Зачёт с оценкой	УК-1; ПК-2	Вопросы к зачету

ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ

Вопросы для опроса

Раздел 1. Общие вопросы биоинформатики и информационной биологии

1. Какие уровни организации биологических объектов можно выделить и что характерно для каждого уровня?
2. Какова роль генетических макромолекул (ДНК, РНК, белки) в организации клетки и передаче генетической информации?
3. В чем отличия организации геномов прокариот и эукариот?
4. Что представляет собой системная биология и какие методы она использует для исследования биологических систем?
5. Что такое метаболические сети и как они участвуют в обмене веществ в клетке?
6. Что такое экспрессия генов и какие механизмы регулируют этот процесс?
7. Какие процессы и механизмы лежат в основе передачи генетической информации от ДНК?
8. В чем заключается компьютерное представление биологических объектов и какие методы используются для обработки и анализа биологических данных?
9. Какие методы классификации живых объектов существуют и чем они отличаются друг от друга?
10. Каким образом связаны геномы организмов с их эволюционными отношениями и специфическими чертами?
11. В чем заключается онтологическое моделирование данных в биоинформатике?
12. Какие языки программирования наиболее часто используются в биоинформатике?
13. Какие программно-инструментальные средства широко применяются для работы с биоинформацией?
14. Какие методы интеграции приложений используются в биоинформатике для объединения гетерогенных данных?
15. Какую роль играют базы данных белков и генов в биоинформатике?
16. Какие проблемы возникают при интеграции данных из различных источников в биоинформатике?
17. Какие подходы используются для сопоставления данных из разных баз данных белков и генов?
18. Какие алгоритмы используются для поиска и анализа биологических данных в биоинформатике?
19. Какие методы обработки данных применяются для интеграции геномных и протеомных данных?
20. Что такое биологическая сеть в биоинформатике и какие существуют методы ее анализа?

21. Какие стандарты существуют для обмена биологическими данными в биоинформатике?
22. Какие методы машинного обучения применяются для анализа биологических данных в биоинформатике?
23. Какую роль играют алгоритмы сравнения последовательностей в биоинформатике и какие методы их улучшения существуют?

Раздел 2. Анализ и обработка данных молекулярно-генетических исследований

1. Каковы основные шаги и процессы анализа дифференциальной экспрессии генов на основе полученных данных?
2. Что представляют собой белковые семейства, домены и мотивы, и как они классифицируются в рамках протеомики?
3. Какие алгоритмы применяются для анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций в рамках протеомики?
4. Какие принципы лежат в основе структурной биоинформатики и как она помогает в понимании структуры и функции белков?
5. Какие вычислительные методы помогают в прогнозировании взаимодействий между белками и предсказании структур белковых комплексов?
6. Каким образом исследования пространственной структуры белков могут привести к разработке новых методов терапии и фармацевтических препаратов?
7. Какие проблемы могут возникнуть при предсказании функций белков на основе их структурных данных, и как их можно решить?
8. Какие биоинформационные инструменты используются для анализа пространственных данных белков?
9. Что такое алгоритмы молекулярной эволюции, и как они используются для анализа филогенетических отношений между организмами?
10. Какие методы построения филогенетических деревьев существуют, и как выбрать наиболее подходящий метод в конкретной задаче?
11. Какие основные принципы работы с высокопроизводительными вычислениями в биоинформатике, и какие преимущества они могут принести при анализе геномных данных?
12. Какое программное обеспечение используется для высокопроизводительных вычислений в биоинформатике, и какие функциональные возможности имеют эти программы?
13. Каким образом происходят параллельные вычисления, и какие преимущества это дает при вычислениях в биоинформатике?
14. Как проводится филогенетический анализ с использованием языка программирования R, и какие библиотеки, такие как phylogram и ape, могут быть использованы для этой цели?

15. Какие факторы могут повлиять на встречаемость аллелей и генотипов в популяциях?
16. Чем отличается миграция от инбридинга?
17. Какие процедуры можно использовать для обработки семейных данных с помощью объекта `pedigree`?
18. Что представляют собой корреляционные структуры, описывающие семейные отношения?
19. Что такое родство и идентичность по происхождению?
20. Как можно использовать рисование родословной в анализе генетических данных?
21. Каким образом можно определить уровень инбридинга в популяции?
22. Какие методы могут быть использованы для оценки генетического разнообразия в популяции?
23. Как можно использовать результаты популяционно-генетического анализа для улучшения селекции и сохранения генетического разнообразия?
24. Процедуры для обработки семейных данных с помощью библиотеки `pedigree`.
25. Чем отличаются и для чего используются библиотеки `kenship`, `plink`, `genlib`, `pedigree` в рамках работы с данными родословных?
26. В чем состоит значение использования библиотек `genlib` и `pedigree` для работы с генетическими данными родословных?
27. Какие аспекты родства и генотипов в популяциях наиболее важны для исследования генетического разнообразия?
28. Каким образом можно провести анализ родства и идентичности по происхождению с использованием библиотеки `kenship`?
29. `Genome studio` - программа для визуализации и анализа данных генетического секвенирования
30. Какие инструменты можно использовать для визуализации результатов филогенетического анализа в R?

Критерии оценки:

- оценка «зачтено» выставляется студенту, который твердо усвоил программный материал, грамотно и по существу, без существенных неточностей отвечает на вопросы, владеет навыками и приемами выполнения практических заданий;
- оценка «не зачтено» выставляется студенту, который не знает значительной части программного материала, допускает принципиальные ошибки,

неуверенно, с большими затруднениями выполняет практические задания.

Задания к контрольным работам

Контрольная работа

Реферат по дисциплине «Биоинформатика» является результатом индивидуальной работы студентов и отражает способности исполнителей к самостоятельной работе с литературой и навыки анализа конкретной проблемы.

1. При выполнении реферата должно быть использовано не менее 20 источников литературы.

2. Реферат должен быть хорошо отформатирован в следующем формате: шрифт 14, Times New Roman.

3. Реферат должен содержать сведения из оригинальных источников, а не составлен из ссылок и рефератов, позаимствованных из Интернета.

4. Объем реферата должен быть не менее 15 страниц и не более 25

5. Все части реферата, составленные по литературным источникам, должны быть логически связаны и объединены единой темой.

6. Реферат должен быть хорошо структурирован, разбит на тематические разделы.

7. Презентация для защиты реферат должны содержать не менее 15 слайдов.

Темы рефератов:

1. Высокоспециализированные базы данных.
2. Проблемы баз данных: избыточность, наличие ошибок, проблемы, связанные с открытостью.
3. Genome studio - программа для визуализации и анализа данных генетического секвенирования
4. Вычисление коэффициента родства между индивидами на основе генетических данных посредством пакета «kenship» (язык R)
5. Инструмент для работы с генетическими данными и проведения анализа ассоциаций в исследованиях на геномном уровне – пакет «plink» (язык R).
6. Библиотека общего назначения для генетического программирования (GP) - Пакет «genlib»
7. Программное обеспечение или библиотека, предназначенная для работы с генеалогическими данными и построения генеалогических деревьев (пакет pedigree)

Критерии оценки:

Критериями оценивания курсовой работы являются: актуальность выбранной темы, глубина освоения материала, качество и всесторонность подбора и использования источников литературы, степень самостоятельности, обоснованности и аргументированности выводов, предложений, общая культура изложения, уровень доклада и ответов на вопросы. При неудовлетворительной защите курсовой работы (то есть работа не соответствует предъявляемым требованиям, содержанию и при ответах на вопросы студента были обнаружены серьезные пробелы в профессиональных знаниях), ему назначается повторная защита.

- оценка «зачтено» выставляется студенту, если содержание контрольной работы в целом соответствует теме задания, продемонстрировано знание фактического материала и уверенное владение понятийно - терминологическим аппаратом дисциплины, отсутствуют ошибки в употреблении терминов, ответы четко структурированы и выстроены в заданной логике, работа выполнена аккуратно.

- оценка «не зачтено» выставляется студенту, если содержание контрольной работы не соответствует теме задания или соответствует ему в очень малой степени, продемонстрировано крайне низкое знание фактического материала и слабое владение понятийно - терминологическим аппаратом дисциплины, присутствуют многочисленные ошибки в употреблении терминов, ответ представляет собой сплошной текст без структурирования, нарушена заданная логика, работа выполнена неаккуратно.

ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ

Вопросы к зачету (с оценкой)

(компетенции: УК-1; ПК-2)

1. Белки. ДНК. РНК. Строение. Функции.
2. Методы секвенирования белков и нуклеиновых кислот.
3. Форматы хранения данных о структуре биополимеров и химических молекул.
4. Базы данных биологической и биотехнологической информации. Виды предоставляемой информации, инструменты для работы.
5. Множественное выравнивание первичных последовательностей. Оценка схожести/различия между парой последовательностей. Филогенетический анализ

6. Молекулярная динамика. Принципы метода, ограничения. Инструменты/сервисы для работы.
7. Как работают алгоритмы BLAST, BLAT и SSAHA? В чем их основные отличия?
8. Какова роль генных сетей и ассоциативных сетей в анализе сложных биологических систем?
9. Что такое транскриптомика и какие основные задачи решает это направление биологии?
10. Что такое алгоритмы молекулярной эволюции, и как они используются для анализа филогенетических отношений между организмами?
11. Каким образом происходит параллельные вычисления с помощью библиотек MPI и OpenMP, и какие преимущества это дает при вычислениях в биоинформатике?
12. Как проводится филогенетический анализ с использованием языка программирования R, и какие библиотеки, такие как phylogram и ape, могут быть использованы для этой цели?
13. Какие процедуры можно использовать для обработки семейных данных с помощью объекта pedigree?
14. Что такое родство и идентичность по происхождению?
15. Как можно использовать рисование родословной в анализе генетических данных?
16. Каким образом можно определить уровень инбридинга в популяции?
17. Что такое родство и идентичность по происхождению?
18. Процедуры для обработки семейных данных с помощью библиотеки pedigree.
19. Чем отличаются и для чего используются библиотеки kenship, plink, genlib, pedigree в рамках работы с данными родословных?
20. В чем состоит значение использования библиотек genlib и pedigree для работы с генетическими данными родословных?
21. Какие аспекты родства и генотипов в популяциях наиболее важны для исследования генетического разнообразия?
22. Каким образом можно провести анализ родства и идентичности по происхождению с использованием библиотеки kenship?
23. Genome studio - программа для визуализации и анализа данных генетического секвенирования
24. Какие инструменты можно использовать для визуализации результатов филогенетического анализа в R?

Критерии оценки зачета с оценкой:

Отметка **«отлично»** выставляется обучающемуся, если он глубоко и прочно усвоил программный материал, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, умеет тесно увязывать теорию с практикой, свободно справляется с задачами, вопросами и другими видами применения знаний, причем не затрудняется с ответом при видоизменении заданий, использует в ответе материал монографической литературы, правильно обосновывает принятое решение, владеет разносторонними навыками и приемами выполнения практических задач.

Отметка **«хорошо»** выставляется обучающемуся, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, не допуская существенных неточностей в ответе на вопрос, правильно применяет теоретические положения при решении практических вопросов и задач, владеет необходимыми навыками и приемами их выполнения.

Отметка **«удовлетворительно»** выставляется обучающемуся, если он имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, демонстрирует недостаточно систематизированы теоретические знания программного материала, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, испытывает затруднения при выполнении практических работ.

Отметка **«неудовлетворительно»** выставляется обучающемуся, который не знает значительной части программного материала, допускает существенные ошибки при его изложении, неуверенно, с большими затруднениями выполняет практические работы.

ЗАДАНИЯ НА УРОВЕНЬ СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ

Компетенция ПК-2

Задания закрытого типа

Биоинформатика - это

а) набор статистических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;

- б) набор физических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;
- в) набор компьютерных методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;**
- г) набор химических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;
- д) набор биологических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов.

Выберите верные суждения о геноме:

- а) Геном - совокупность всего генетического материала организма/отдельной клетки**
- б) Геном может быть представлен только ДНК
- в) У некоторых вирусов геном представлен РНК**
- г) Размер генома не зависит от эволюционного возраста вида
- д) Геном человека впервые был расшифрован в 1953 году
- е) Геном человека самый большой среди живых организмов
- ж) Самый маленький геном принадлежит представителю вирус**

Выберите верные суждения о репликации ДНК:

- а) Репликация - процесс синтеза РНК по матрице ДНК
- б) Для репликации необходима ДНК-полимераза, которая способна пришивать нуклеотиды 12 только к 5'-концу
- в) Для репликации необходима ДНК-полимераза, которая способна пришивать нуклеотиды только к 3'-концу**
- г) Для репликации необходима ДНК-полимераза, которая способна пришивать нуклеотиды и к 3'-концу, и к 5'-концу
- д) Репликация происходит всякий раз, когда размножаются клетки организма

Задания открытого типа

1. Базы данных биологической и биотехнологической информации. Виды предоставляемой информации, инструменты для работы.
2. Филогенетический анализ это....

3. Библиотека в R, предназначенная для работы с генеалогическими данными и построения генеалогических деревьев

Компетенция УК-1

Задания закрытого типа

1. Что означает встречаемость аллелей в популяции?
 - а) **Доля особей с данным генотипом в популяции**
 - б) Частота наблюдаемого аллеля населения
 - в) Связь генов в гомологичных хромосомах
 - г) Вероятность возникновения новых мутаций
 - д) Импринтинг аллелей на хромосомах

4. Что определяет родство по X-хромосоме?
 - а) Родство между матерью и дочерью
 - б) Передачу генов от отца к дочери
 - в) **Наследование генов, расположенных на X-хромосоме**
 - г) Отсутствие генов на Y-хромосоме
 - д) Идентичность по митохондриальной ДНК

5. Какая библиотека предназначена для работы с генеалогическими данными и построения генеалогических деревьев?
 - а) kenship
 - б) **pedigree**
 - в) plink
 - г) genlib
 - д) GenoPro

Задания открытого типа

1. Какова роль генных сетей и ассоциативных сетей в анализе сложных биологических систем?
2. Что такое родство и идентичность по происхождению?
3. Как можно использовать рисование родословной в анализе генетических данных?
4. Вычисление коэффициента родства между индивидами на основе генетических данных производится в R с помощью библиотеки....

Методические материалы, определяющие процедуру оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций

1. Положение «О балльно-рейтинговой системе аттестации студентов»: СМК ПНД 08-01-2022, введено приказом от 28.09.2011 №371-О, утверждено ректором 12.10.2015 г. (<http://nsau.edu.ru/file/403>: режим доступа свободный);

2. Положение «О проведении текущего контроля и промежуточной аттестации обучающихся в ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ»: СМК ПНД 77-01-2015, введено в действие приказом от 03.08.2022 №268а-О (<http://nsau.edu.ru/file/104821>: режим доступа свободный);

**МАТРИЦА СООТВЕТСТВИЯ КРИТЕРИЕВ ОЦЕНКИ УРОВНЮ
СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ**

Критерии оценки	Уровень сформированности компетенций
Оценка по пятибалльной системе	
«Отлично»	«Высокий уровень»
«Хорошо»	«Повышенный уровень»
«Удовлетворительно»	«Пороговый уровень»
«Неудовлетворительно»	«Не достаточный»
Оценка по системе «зачет — незачет»	
«Зачтено»	«Достаточный»
«Не зачтено»	«Не достаточный»

Составитель ФОС:
Заведующий кафедрой



Е.В. Камалдинов