

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Ковтун Ольга Петровна
Должность: ректор
Дата подписания: 12.04.2024 15:24:33
Уникальный программный ключ:
f590ada38fac7f9d3be3160b34c218b72d19757c

**Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Уральский государственный медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации**

Кафедра медицинской физики и цифровых технологий

УТВЕРЖДАЮ
Проректор по образовательной
деятельности и молодежной
политике
Т.В. Бородулина
«20» марта 2023 г.



**Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации по дисциплине
Б1.О.13 БИОИНФОРМАТИКА**

**Направление подготовки – 06.04.01 Биология
Профиль – Генные и клеточные технологии в медицине
Квалификация (степень) – магистр
Программа подготовки – прикладная магистратура**

**Екатеринбург
2023**

1) Кодификатор результатов обучения по дисциплине

Структурированный перечень объектов оценивания – знаний, умений, навыков, учитывающий ФГОС представлен в таблице:

| Дидактическая единица (ДЕ) | Контролируемые учебные элементы, формируемые в результате освоения дисциплины | | |
|---|---|---|---|
| | Знать | Уметь | Владеть |
| <p>ДЕ 1. Введение в биоинформатику. Основные понятия и разделы. Знакомство с международными специализированными базами биомедицинских данных. ОПК-8</p> | <p>Историю возникновения биоинформатики как науки. Современные технологий секвенирования нуклеиновых кислот. Основные разделы современной биоинформатики, их задачи, методы, область применения. Специфику работы с биологическими данными. ОПК-8</p> | <p>Проводить анализ аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Использовать форматы представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований. Искать необходимую информацию в международных базах биомедицинских данных (Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др.). ОПК-8</p> | <p>Основными компьютерными программами для выполнения поиска информации в международных базах биомедицинских данных (геномные браузеры и др.); ОПК-8</p> |
| <p>ДЕ 2. Биоинформатика последовательностей. Парное и множественное выравнивание. Поиск аналогов. Функциональная аннотация генов. Сборка генов и геномов. ОПК-8</p> | <p>Цели и типы выравниваний. Принципы выравнивания последовательностей. Основные алгоритмы и инструменты парного выравнивания (Fasta, BLAST, и др.). Методы оптимизации выравнивания. ОПК-8</p> | <p>Проводить расчёт оценки выравнивания (Score). Применять алгоритмы Ниделмана-Вунша, Смита-Уотермана и др. для парного выравнивания последовательностей. ОПК-8</p> | <p>Программами для проведения выравнивания последовательностей (Fasta, BLAST ClustalW и др.). Владеть инструментами анализа качества результатов секвенирования. Владеть инструментами для сборки и работы с геномом. ОПК-8</p> |

| | | | |
|--|---|--|--|
| <p>ДЕ 3. Геномная биоинформатика. Сравнительный анализ геномов. Молекулярная филогенетика. ОПК-8</p> | <p>Основные понятия филогении и построения эволюционных деревьев. Источники изменчивости генетической информации Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. ОПК-8</p> | <p>Применять математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике. Правильно выбирать алгоритмы филогенетического анализа и методы построения филогенетических деревьев. Проводить оценку достоверности различия полученных дпнных. ОПК-8</p> | <p>Алгоритмами и программами для филогенетического анализа последовательностей (MEGA и др.). ОПК-8</p> |
| <p>ДЕ 4. Структурная биоинформатика. Предсказание вторичной и третичной структуры РНК и белка. ОПК-8</p> | <p>Структуру нуклеиновых кислот и белков. Методы предсказание вторичной структуры РНК по последовательности нуклеотидов. Методы предсказание вторичной и третичной структуры белка по последовательности аминокислот. Методы получения трехмерной структуры белка. Структуру PDB файла. ОПК-8</p> | <p>Искать информацию в базах данных трехмерных структур белков (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.). Проводить сравнительный анализ структур родственных белков на основе их пространственной структуры. Изучить свойства белковых молекул при помощи программы PyMol. ОПК-8</p> | <p>Инструментами поиска информации в базах данных трехмерных структур белков (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.). Программами для визуализации белковых структур. и выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). ОПК-8</p> |

2) Аттестационные материалы

2.1. Тестовые вопросы к промежуточному контролю (10 первых тестовых заданий)

1. Используя современные методы секвенирования ДНК (Next generation sequencing) насколько максимально быстро можно определить почти полный геном человека?
 - за 10 лет
 - за 1 год
 - за несколько месяцев
 - +за несколько дней
 - за несколько минут

2. Какие задачи помогает решать структурная биоинформатика?
 - предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - +предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
 - поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
 - установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
 - поиск гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных

3. Какие задачи помогает решать молекулярная филогенетика?
 - предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
 - поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
 - +установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
 - поиск гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных

4. Какие основные разделы современной биоинформатики вам известны:
 - +Биоинформатика последовательностей
 - Таксономическая биоинформатика
 - +Геномная биоинформатика
 - +Структурная биоинформатика
 - Биохимическая биоинформатика

5. Какие прикладные задачи решает биоинформатика последовательностей
 - +сборка молекулы ДНК de novo из отдельных фрагментов
 - предсказание вторичной структуры белка по последовательности аминокислот
 - +выравнивание последовательностей аминокислот относительно друг друга
 - +поиск похожих последовательностей нуклеотидов
 - исследование регуляции работы ансамблей генов в организме

6. Секвенирование ДНК - это
- математические методы предсказания функциональной активности отдельных участков ДНК
 - +общее название методов, которые позволяют определить последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК
 - методы определения вторичной структуры ДНК по последовательности нуклеотидов
 - математические алгоритмы поиска похожих последовательностей ДНК в международных базах данных
 - методы определения видовой принадлежности фрагментов ДНК
7. Структурная биоинформатика включает в себя:
- анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках
 - разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов
 - +изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)
 - предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - анализ последовательности действий исследователя при работе с макромолекулами
8. Функциональная аннотация последовательностей ДНК предполагает решение следующих задач:
- предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
 - +поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
 - установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
 - поиск гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных
9. Биоинформатика последовательностей включает в себя:
- +анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках
 - разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов
 - изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)
 - предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - анализ последовательности действий исследователя при работе с макромолекулами
10. Геномная биоинформатика включает в себя:
- анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках
 - +разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов
 - изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)

-предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма

-анализ последовательности действий исследователя при работе с макромолекулами

3) Описание технологии оценивания

По окончании изучения дисциплины «Б1.О.13 Биоинформатика» предусмотрен зачет в 1 семестре.

Зачет проводится в виде компьютерного теста.

Цель промежуточной аттестации – оценить степень освоения магистрантами дисциплины «Б1.О.13 Биоинформатика» в соответствии с Федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования - магистратура по направлению подготовки 06.04.01 Биология, утвержденным приказом Министерства образования и науки РФ от 11.08.2020 г. № 934. Результатом освоения дисциплины является формирование следующих компетенций: ОПК-8. Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности.

4) Показатели и критерии оценки

Тестирование проводится в компьютерном классе кафедры.

Результат оценивается как «зачтено» или «не зачтено», знания по дисциплине засчитываются, если есть положительный ответ на 70% и более тестовых заданий по данной дисциплине.

1. Положительный ответ на менее чем 70% тестовых заданий свидетельствует о не сформированности компетенций по дисциплине.

2. Положительный ответ на 70– 79% тестовых заданий свидетельствует о низком уровне сформированности компетенций по дисциплине.

3. Положительный ответ на 80– 89% тестовых заданий свидетельствует о среднем уровне сформированности компетенций по дисциплине.

4. Положительный ответ на 90–100% тестовых заданий свидетельствует о высоком уровне сформированности компетенций по дисциплине.