

Приложение к рабочей программе

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Приволжский исследовательский медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации

Владимирский филиал ФГБОУ ВО «ПИМУ» Минздрава России

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

БИОИНФОРМАТИКА В МЕДИЦИНЕ

Специальность: **31.05.01 ЛЕЧЕБНОЕ ДЕЛО**

Кафедра: **МЕДИЦИНСКОЙ БИОФИЗИКИ**

Форма обучения: **ОЧНАЯ**

**Владимир
2023**

1. Фонд оценочных средств для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине

Настоящий Фонд оценочных средств (ФОС) по дисциплине «Биоинформатика в медицине» является неотъемлемым приложением к рабочей программе дисциплины «Биоинформатика в медицине». На данный ФОС распространяются все реквизиты утверждения, представленные в РПД по данной дисциплине.

2. Перечень оценочных средств

Для определения качества освоения обучающимися учебного материала по дисциплине «Биоинформатика в медицине» используются следующие оценочные средства

| № п/п | Оценочное средство | Краткая характеристика оценочного средства | Представление оценочного средства в ФОС |
|-------|---------------------|---|---|
| 1 | Тесты | Система стандартизированных заданий, позволяющая автоматизировать процедуру измерения уровня знаний и умений обучающегося | Фонд тестовых заданий |
| 2 | Ситуационные задачи | Способ контроля, позволяющий оценить критичность мышления и степень усвоения материала, способность применить теоретические знания на практике. | Перечень задач |
| 3 | Доклад | Продукт самостоятельной работы студента, представляющий собой публичное выступление по представлению полученных результатов решения определенной учебно-практической, учебно-исследовательской или научной темы | Темы докладов, сообщений |

3. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы и видов оценочных средств

| Код и формулировка компетенции | Этап формирования компетенции | Контролируемые разделы дисциплины | Оценочные средства |
|--------------------------------|-------------------------------|--|---------------------------------------|
| УК-1 | Текущий | <i>Раздел 1.</i> Введение в биоинформатику. Основные понятия математической статистики в биологии и медицине. | |
| | | Тема 1.1. Предмет изучения биоинформатики. Связь с другими биологическими науками. Использование биоинформатики в биологии и медицине. | Ситуационные задачи |
| УК-1 | Текущий | <i>Раздел 2.</i> Омные науки - основные понятия и методы. | |
| | | Тема 2.1. Геномика, основное представление | Ситуационные задачи, тестовые задания |

| | | | |
|------|---------|--|---------------------------------------|
| | | Тема 2.2. Протеомика, основное представление, современные методы. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 2.3. Метаболомика. Масс-спектрометрия. Транскриптомика | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| УК-1 | Текущий | Раздел 3. Протеомика | |
| | | Тема 3.1. Белки: структура, функции, методы анализа и определения белков. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 3.2. Программное обеспечение и базы данных: - BLAST - Basic Local Alignment Search Tool - компьютерные программы для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот, с известной первичной структурой (последовательностью) или её фрагментами. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 3.3. Программное обеспечение и базы данных: - UniProt - база данных последовательностей белков; - HMMER - поиск в базах данных гомологов последовательностей и для выравнивания последовательностей аминокислот. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 3.4. Программное обеспечение и базы данных: - Expression Atlas - база данных, которая предоставляет информацию о паттернах экспрессии генов. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| УК-1 | Текущий | Раздел 4. Белковые модификации и методы их изучения. | |
| | | Тема 4.1. Молекулярные методы исследования: вестерн-блоттинг, электрофорез, иммунохимия, масс-спектрометрия. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 4.2. PRIDE - PRoteomics IDentifications - централизованное хранилище общедоступных данных. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 4.3. Mascot (Matrix Science) - ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков с использованием данных масс-спектрометрии. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| УК-1 | Текущий | Раздел 5. Возможности предсказания и расчета структуры белка. | |
| | | Тема 5.1. InterAct - IntAct Molecular Interaction Database - система баз данных с открытым исходным кодом | Ситуационные задачи, тестовые задания |

| | | | |
|------|---------|--|---------------------------------------|
| | | | задания |
| | | Тема 5.2. Reactome - база данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 5.3. BioGrid - The Biological General Repository for Interaction Datasets - курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий, генетических взаимодействий, химических взаимодействий и пост-трансляционных модификаций. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| УК-1 | Текущий | Раздел 6. Математическое моделирование – основные понятия. | |
| | | Тема 6.1. Типы математических моделей, используемые в медицине и биологии. Моделирование в протеомике. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| | | Тема 6.2. BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес. | Ситуационные задачи, тестовые задания |
| УК-1 | Текущий | Раздел 7. Метабономика | |
| | | Тема 7.1. MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кроссплатформенных метаболомных исследований | Тестовые задания |
| | | Тема 7.2. Транскриптомика как наука, ее значение для современной медицины. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий. | Тестовые задания |
| | | Тема 7.3. Cytoscape - Network Data Integration, Analysis, and Visualization in a Box – биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом | Ситуационные задачи, тестовые задания |

4. Содержание оценочных средств текущего контроля

Текущий контроль осуществляется преподавателем дисциплины при проведении занятий в форме: ситуационных задач, тестовых заданий, докладов.

4.1. Ситуационные задачи для оценки компетенций: УК-1.

1. Частоты встречаемости оснований в геноме *E. coli* составляют: $A = T = 49.2\%$; $G = C = 50.8\%$. Дана случайная последовательность из 4 639 221 нуклеотида, для которой справедливы написанные выше равенства. Сколько раз (в среднем) в этой последовательности встретится участок CTAG?

2. Геном *E. coli* содержит некоторое число пар ферментов, которые катализируют одну и ту же реакцию. Как это обстоятельство скажется на экспериментах по выявлению функции фермента методом генного нокаута (делеции или инактивации отдельных генов)?

3. Что произошло раньше: полет человека на Луну или открытие глубоководных гидротермальных источников? Выскажите свое предположение перед тем, как обратиться к справочной литературе.

4. Ген ретинобластомы передается вместе с геном эстеразы D, с которым он тесно сцеплен. Однако каждый из двух аллелей эстеразы D может передаваться с любым из аллелей ретинобластомы. Как можно показать, что ретинобластома не прямое следствие фенотипа эстеразы D?

5. Если все соматические клетки организма имеют одну и ту же последовательность ДНК, то почему необходимо иметь библиотеки кДНК из различных тканей?

6. Предположим, вы пытаетесь идентифицировать ген, вызывающий болезнь человека. Вы находите генетический маркер на расстоянии 0,75 сМ от гена болезни. Сколько пар оснований приблизительно насчитывает область, внутри которой может быть расположен ген, который вы ищете? Примерно сколько генов может содержать этот участок?

7. Недостаточность глюкозо-6-фосфатдегидрогеназы- моногенный рецессивный, сцепленный с X-хромосомой дефект, от которого страдают миллионы людей. Клиническая картина включает в себя гемолитическую анемию и стойкую неонатальную желтуху. Этот ген не был элиминирован из популяции, потому что дает устойчивость к малярии. В этом случае общее знание метаболических путей выявило белок, вызывающий болезнь. Если дана аминокислотная последовательность белка, как вы определите место (места) расположения в хромосоме соответствующего гена?

8. Путем горизонтального переноса в геном *E. coli* в течение 14.4 млн лет были внесены 755 ORF, что является причиной *E. coli* дивергенции от *Salmonella*. Оцените среднюю скорость горизонтального переноса в (парах нуклеотидов)/год. Каков процент известных нам генов, внесенных в геном *E. coli* посредством горизонтального переноса?

9. В каком смысле геном живого организма напоминает базу данных? Какие из следующих отличительных черт являются общими у реально существующих геномов и компьютерных баз данных? Какие отличительные черты реально существующих геномов отсутствуют у баз данных? Каких особенности баз данных не наблюдается у реально существующих геномов?

(а) Используется как хранилище информации.

(б) Самотолкование.

(в) Различные копии не идентичны.

(г) Ученые могут обнаружить ошибки.

10. Какие экспериментальные факты показывают, что генетическая карта, соответствующая каждой хромосоме линейно упорядочена?

11. Для геномов *M. genitalium* и *H. influenzae* чему равны (а) генетическая плотность в генах/тпн, (б) средний размер гена в пн, (в) число генов? Какой фактор способствует такому сильному уменьшению размера генома в *M. genitalium* по сравнению с *H. influenzae*?

Интернет -задания

12. Какие существуют различия между стандартным генетическим кодом и митохондриальным генетическим кодом позвоночных?

13. Каково хромосомное расположение человеческого гена миоглобина?

4.4. Темы докладов для оценки компетенций: УК-1.

1. Основы биоинформатики.

2. Геном человека и современные постгеномные проекты.

3. Геномная биоинформатика

4. Использование биоинформатики в биологии и медицине.

5. Бластинг последовательностей нуклеиновых кислот и белков.

6. Конструирование праймеров для ПЦР.

7. Использование доменов для предсказания структуры и функций белков.
8. Методы предсказания 3D структуры белков.
9. Математическое моделирование в медицине и биологии.
10. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул.
11. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.
12. Белковые модификации и методы их изучения.
13. Молекулярные методы исследования: вестерн-блоттинг, электрофорез
14. Основные характеристики методы иммунохимии.
15. Основные характеристики масс-спектрометрия.
16. Хранилище общедоступных данных для протеомики – PRIDE.
17. ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков - Mascot (MatrixScience).

5. Содержание оценочных средств промежуточной аттестации

Промежуточная аттестация проводится в виде зачета

5.1 Перечень контрольных заданий и иных материалов, необходимых для оценки знаний, умений, навыков и опыта деятельности: тесты по разделам дисциплины: тестовые задания.

5.1.1. Тестовые вопросы с вариантами ответов к зачёту по дисциплине «Биоинформатика».

| Тестовые задания | Код компетенции (согласно РПД) |
|--|--------------------------------|
| <p>1. Биоинформатика - это</p> <p>А) набор статистических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;</p> <p>Б) набор физических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;</p> <p>В) набор компьютерных методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;</p> <p>Г) набор химических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;</p> <p>Д) набор биологических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов.</p> | УК-1 |
| <p>2. Биоинформатика - это</p> <p>А) междисциплинарная область, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;</p> <p>Б) область статистики, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы</p> | |

данных большие и сложные;
 В) область биохимии, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;
 Г) область биофизики, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;
 Д) область вирусологии, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные.

3. База данных - это

А) бесконечный объем данных, постоянно управляющийся с помощью СУБД
 Б) упорядоченный набор структурированной информации или данных, которые хранятся в электронном виде в компьютерной системе
 В) сложная программа, направленная учет входящей информации
 Г) бесконечный набор аналоговых сигналов, которые обычно хранятся в памяти компьютера
 Д) информация разного типа, которая обычно хранятся в электронном виде в компьютерной системе

4. Реляционная база данных -это

А) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию о точном количестве сравнимых признаков
 Б) совокупность не связанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа
 В) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа
 Г) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах неопределенных значений
 Д) совокупность не связанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа

5. Нереляционная база данных -это

А) база данных, в которой хранится строго структурированная информация, явно связанная с другими сравниваемыми признаками сведениями
 Б) комплекс аппаратно-программных средств, предназначенных для работы с информацией
 В) аналог реляционной базы данных, в которой хранится строго структурированная информация
 Г) аналог реляционной базы данных, в которой хранится уникальная информация в свободном доступе
 Д) аналог реляционной базы данных, в которой информация хранится без строгой структуры и явной связи между другими сведениями

6. SQL расшифровывается как

А) structured question line
 Б) structured query language
 В) strong question language

| | |
|--|--|
| <p>Г) strict question line Д) strict query language</p> | |
| <p>7. Основной задачей SQL является А) предоставление простого способа считывания и предоставления пользователю или группе пользователей прав на осуществление определенных операций Б) предоставление простого способа считывания и определения пользователю или группе пользователей запрета, который является приоритетным по сравнению с разрешением В) предоставление простого способа считывания и записи информации в базу данных Г) предоставление уникального способа считывания и записи информации в базу данных Д) предоставление информации в формализованном виде и записи информации в базу данных</p> | |
| <p>8. В рамках геномики рассматриваются А) определение нуклеотидной последовательности ДНК Б) все гены и их взаимодействие друг с другом В) рекомбинационный механизм переключения активности генов Г) размеры двуспиральных ДНК Д) комплиментарное копирование матрице</p> | |
| <p>9. Протеомика - область молекулярной биологии, посвящённая А) идентификации и количественному анализу белков Б) идентификации и количественному анализу жиров В) идентификации и количественному анализу нуклеиновых кислот Г) идентификации и количественному анализу фосфолипидов Д) идентификации и количественному анализу сахаров</p> | |
| <p>10. Экспрессия генов — процесс, в ходе которого наследственная информация заложенная в гене, преобразуется в функциональный продукт А) продуктов экспрессии – ДНК или белок Б) продуктов экспрессии – РНК или белок В) продуктов экспрессии – РНК или фосфолипид Г) продуктов экспрессии – ДНК или фосфолипид Д) продуктов экспрессии – РНК или ДНК</p> | |
| <p>11. Транскрипт – это А) продукт активности фермента ДНК-полимеразы Б) продукт активности фермента РНК-полимеразы В) продукт активности РНК- ДНК гибрида Г) прочность терминаторской шпильки в РНК Д) вставка интронов на уровне РНК</p> | |
| <p>12. Секвенирование – это А) группа методов, позволяющая узнать структуру альфа-аминокислот Б) группа методов, позволяющая узнать структуру белков В) группа методов, позволяющая узнать последовательность нуклеотидов в молекуле РНК</p> | |

| | |
|--|--|
| <p>Г) группа методов, позволяющая узнать последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК</p> <p>Д) группа методов, позволяющая изучить сложную вторичную и третичную структуры РНК</p> | |
| <p>13. Метаболизм изучает</p> <p>А) конечные и промежуточные продукты обмена веществ в клетке</p> <p>Б) начальные и конечные продукты обмена веществ в клетке</p> <p>В) глюкозные транспортёры</p> <p>Г) совокупность всех исходных, промежуточных и конечных продуктов метаболизма</p> <p>Д) натрий-зависимый транспортёр серотонина</p> | |
| <p>14. Важнейшей особенностью внутримолекулярных взаимодействий, стабилизирующих макромолекулярную структуру ДНК, является их:</p> <p>А) кооперативность</p> <p>Б) анти-конформация</p> <p>В) коррекция</p> <p>Г) полимеризация</p> <p>Д) экзонуклеазная активность</p> | |
| <p>15. Вестерн-блоттинг - аналитический метод, используемый для</p> <p>А) определения в образце специфичных спиртов</p> <p>Б) определения в образце специфичных фосфолипидов</p> <p>В) определения в образце специфичных белков</p> <p>Г) определения в образце специфичных жиров</p> <p>Д) определения в образце специфичных углеводов</p> | |
| <p>16. Электрофорез – это</p> <p>А) электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием внешнего магнитного поля</p> <p>Б) электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием внешнего электромагнитного поля</p> <p>В) электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием внешнего электрического поля</p> <p>Г) электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием ультразвука</p> <p>Д) электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием инфразвука</p> | |
| <p>17. Для белков предсказание состоит в соотношении</p> <p>А) отдельных участков аминокислотной последовательности</p> <p>Б) генерации позиционной весовой матрицы с помощью PSI-BLAST</p> <p>В) белок-белковых коэффициентов трения</p> <p>Г) трансляционной диффузии альбумина и изменении его подвижности при различных концентрациях</p> | |

| | |
|--|--|
| Д) изменения коэффициента самодиффузии | |
| 18. Вторичная структура белка определяется А) взаимодействием боковых групп аминокислотных остатков Б) взаимодействием полярных и заряженных остатков В) взаимодействием атомов основной цепи белка Г) взаимодействием гидрофобных боковых групп Д) взаимодействием нескольких полипептидных цепей | |
| 19. BIOGRID объединяет данные А) межвидового взаимодействия белков Б) межвидового взаимодействия жиров В) межвидового взаимодействия углеводов Г) межвидового взаимодействия нуклеиновых кислот Д) межвидового взаимодействия липидов | |
| 20. HPRD фокусируется главным образом на А) данных млекопитающих Б) данных человека В) структуре клетки Г) строении ядра Д) строении митохондрий | |
| 21. Белки - это А) разветвленные гетерополимеры Б) неразветвленные гетерополимеры В) разветвленные мономеры Г) неразветвленные мономеры Д) радикалы аминокислот | |
| 22. В состав белков входит А) 20 альфа-аминокислот Б) 80 альфа-аминокислот В) 200 альфа-аминокислот Г) 250 альфа-аминокислот Д) 500 альфа-аминокислот | |
| 23. Степень спирализации белка характеризует: А) первичную структуру белка Б) вторичную структуру белка В) третичную структуру белка Г) четвертичную структуру белка | |
| 24. В ДНК встречается четыре вида азотистых оснований А) аденин, гуанин, тимин и урацил Б) аденин, гуанин, урацил и цитозин В) аденин, гуанин, серотонин и цитозин Г) аденин, гистамин, тимин и цитозин Д) аденин, гуанин, тимин и цитозин | |

| | |
|--|--|
| <p>25. Фосфорилирование – это</p> <p>А) замещение атома водорода в молекулах химических соединений остатками азотной кислоты</p> <p>Б) замещение атома кислорода в молекулах химических соединений остатками фосфорной кислоты</p> <p>В) замещение атома водорода в молекулах химических соединений остатками фосфорной кислоты</p> <p>Г) замещение атома кислорода в молекулах химических соединений остатками фосфорной кислоты</p> <p>Д) замещение атома водорода в молекулах химических соединений остатками карбоновой кислоты</p> | |
| <p>26. Фосфорилирование – это</p> <p>А) процесс синтеза молекул АТФ из АДФ и фосфатов</p> <p>Б) процесс синтеза молекул АТФ из АМФ и фосфатов</p> <p>В) процесс синтеза молекул АДФ из АТФ и фосфатов</p> <p>Г) процесс синтеза молекул АДФ из АМФ и фосфатов</p> <p>Д) процесс синтеза молекул АМФ из АДФ и фосфатов</p> | |
| <p>27. Фосфорилирование белка часто регулирует</p> <p>А) функциональную активность генома</p> <p>Б) функциональную активность фрагмента расшифрованной последовательности</p> <p>В) визуализацию биологических данных</p> <p>Г) скрининг нового генома</p> <p>Д) функциональную активность данного белка</p> | |
| <p>28. Нуклеотид – это мономер</p> <p>А) белков</p> <p>Б) нуклеиновых кислот</p> <p>В) жиров</p> <p>Г) углеводов</p> <p>Д) спиртов</p> | |
| <p>29. Простые белки состоят</p> <p>А) только из нуклеотидов</p> <p>Б) только из аминокислот</p> <p>В) из аминокислот и небелковых соединений</p> <p>Г) из комплексных соединений с углеводами, липидами</p> | |
| <p>30. Универсальность генетического кода заключается в том, что</p> <p>А) у всех организмов одни и те же триплеты нуклеотидов соответствуют одним и тем же аминокислотам</p> <p>Б) одни и те же триплеты нуклеотидов всегда соответствуют одним и тем же аминокислотам</p> <p>В) для большинства аминокислот характерно то, что каждой из них соответствует не один, а несколько разных триплетов</p> <p>Г) каждой аминокислоте соответствует строго определенный триплет нуклеотидов</p> | |

| | |
|---|--|
| <p>31. Каждый триплет кодирует</p> <ul style="list-style-type: none">А) двадцать одну аминокислотуБ) двенадцать аминокислотВ) только девять аминокислотГ) только три аминокислотыД) только одну аминокислоту | |
| <p>32. Число триплетов</p> <ul style="list-style-type: none">А) превышает количество кодируемых аминокислотБ) меньше количества кодируемых аминокислотВ) равно количеству кодируемых аминокислот | |
| <p>33. Известно, что молекула аминокислоты состоит из двух частей, одна из которых одинакова у всех аминокислот, входящих в состав белков. Укажите, общую часть молекулы аминокислоты</p> <ul style="list-style-type: none">А) аминогруппа (–NH) и карбоксильная группа (–COOH), присоединенные к одному и тому же атому углеродаБ) аминогруппа (–NH) и карбоксильная группа (–COOH), присоединенные к двум разным атомам углеродаВ) две аминогруппы (–NH) и карбоксильная группа (–COOH), присоединенные к трем разным атомам углеродаГ) аминогруппа (–NH) и две карбоксильные группы (–COOH), присоединенные к трем разным атомам углеродаД) две аминогруппы (–NH) и две карбоксильные группы (–COOH), присоединенные к четырем разным атомам углерода | |
| <p>34. Запись банков данных включает в себя результаты экспериментов и дополнительную информацию, называемую</p> <ul style="list-style-type: none">А) ссылкойБ) аннотациейВ) блокнотомГ) проектом | |
| <p>35. Банки данных базируют свои аннотации на</p> <ul style="list-style-type: none">А) источнике данныхБ) важных публикацияхВ) компьютерном анализеГ) предварительной гипотезеД) подмножествах данных | |
| <p>36. Что такое URL ?</p> <ul style="list-style-type: none">А) uniform resort locatorБ) uniform resource locatorВ) uniform resource locationГ) universal resource locator | |
| <p>37. Назначение URL заключается в том, что он отражает информацию</p> <ul style="list-style-type: none">А) об авторах и количестве публикацийБ) об экспериментальных методахВ) о формате записи и ее местонахожденииГ) о компьютерном оборудовании | |

| | |
|---|--|
| <p>38. Экзон - это</p> <p>А) участок ДНК, сохраняемый в зрелой информационной РНК, которую рибосом транслирует в белок</p> <p>Б) участок РНК, сохраняемый в зрелой информационной РНК, которую рибосом транслирует в белок</p> <p>В) участок ДНК, сохраняемый в зрелой информационной ДНК, которую аминокислота транслирует в белок</p> <p>Г) участок ДНК, сохраняемый в зрелой информационной РНК, который денатурирует</p> | |
| <p>39. Интрон - это</p> <p>А) участок экзона</p> <p>Б) участок информационной РНК</p> <p>В) промежуточный участок между двумя аминокислотами</p> <p>Г) промежуточный участок между двумя экзонами</p> | |
| <p>40. Рестрицирующая эндонуклеаза - это</p> <p>А) фермент, разрезающий РНК на отдельные последовательности</p> <p>Б) фермент, склеивающий РНК на отдельные последовательности</p> <p>В) фермент, разрезающий ДНК на отдельные последовательности</p> <p>Г) фермент, склеивающий ДНК из отдельных последовательностей</p> | |
| <p>41. Процесс, в результате которого выделен ген, называется</p> <p>А) корректной идентификацией</p> <p>Б) обратной генетикой</p> <p>В) клонированием участка ДНК</p> <p>Г) паттерном экспрессии гена</p> | |
| <p>42. Геном человека распределен по</p> <p>А) 22 парам хромосом</p> <p>Б) 48 парам хромосом</p> <p>В) 64 парам хромосом</p> <p>Г) 128 парам хромосом</p> | |
| <p>43. У большинства людей митохондрии</p> <p>А) генетически различны</p> <p>Б) генетически идентичны</p> <p>В) генетически разнородны</p> <p>Г) генетически вариативны</p> | |
| <p>44. Генетическая идентичность митохондрий называется</p> <p>А) гомоплазией</p> <p>Б) гетероплазией</p> <p>В) репликацией</p> <p>Г) транскрипцией</p> <p>Д) репликацией</p> | |
| <p>45. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот - это</p> <p>А) набор записей</p> <p>Б) биотехнологическая информация</p> <p>В) идентификационный номер</p> <p>Г) удобный доступ к геному человека</p> | |

| | |
|---|--|
| <p>46. Геномные базы данных содержат</p> <p>А) сервис для анализа Б) лабораторные методы В) последовательности ДНК Г) последовательности РНК</p> | |
| <p>47. PIR - это</p> <p>А) ресурс идентификации протеинов Б) последовательность эластаз млекопитающих В) программа идентификации хромосом Г) программа идентификации гомологов</p> | |
| <p>48. В экспрессионных базах записаны данные</p> <p>А) совокупной информации о мутациях Б) по уровням экспрессии мРНК В) анатомии развития Г) взаимосвязи между генами болезни человека и белками дрожжей Д) последовательности ДНК</p> | |
| <p>49. Выравнивание последовательностей - это</p> <p>А) структура, выведенная из координат атомов Б) технологическая комбинация элементов запроса В) предварительный генетический анализ Г) сравнение баз данных протеома дрожжей Д) определение соответствия между остатками</p> | |
| <p>50. Точечная матрица - это</p> <p>А) простейшее изображение, дающее представление о сходстве между последовательностями Б) наборы признаков, наблюдаемых в однородной выборке многих последовательностей В) эффективное предсказание структур Г) представление вероятности возникновения делеций</p> | |

| № тестового задания | № эталона ответа | № тестового задания | № эталона ответа | № тестового задания | № эталона ответа |
|---------------------|------------------|---------------------|------------------|---------------------|------------------|
| 1 | В | 18 | В | 35 | В |
| 2 | А | 19 | А | 36 | Б |
| 3 | Б | 20 | Б | 37 | В |
| 4 | В | 21 | Б | 38 | А |
| 5 | Д | 22 | А | 39 | Г |
| 6 | Б | 23 | Б | 40 | В |
| 7 | В | 24 | Д | 41 | Б |
| 8 | Б | 25 | В | 42 | А |
| 9 | А | 26 | А | 43 | Б |
| 10 | Б | 27 | Д | 44 | Б |
| 11 | Б | 28 | Б | 45 | А |
| 12 | Г | 29 | Б | 46 | В |
| 13 | Г | 30 | А | 47 | А |
| 14 | А | 31 | Д | 48 | Б |

| | | | | | |
|----|---|----|---|----|---|
| 15 | В | 32 | А | 49 | Д |
| 16 | В | 33 | А | 50 | А |
| 17 | А | 34 | Б | | |

5.1.2. Вопросы к зачёту по дисциплине «Биоинформатика».

1. Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты.
2. Базы данных. Электронные библиотечные ресурсы. Библиографическая классификация и номенклатура.
3. Интернет. HTML. Поисковые системы.
4. Изучение возможностей Excel (ввод данных, вычисления, формулы).
5. Геномика, основное представление, современные методы геномики: ПЦР, генотипирование, SNP, SAGE, NGS
6. Протеомика, основное представление, современные методы протеомики: 2D-PAGE электрофорез, вестерн-блоттинг, масс-спектрометрия
7. Метаболомика как наука. Особенности и значение метаболомики.
8. MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кросс-платформенных метаболомных исследований и база знаний о свойствах отдельных метаболитов.
9. Транскриптомика как наука, ее значение для современной медицины.
10. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий.
11. Cytoscape - NetworkDataIntegration, Analysis, and Visualization in a Box – биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом.
12. Белковые модификации и методы их изучения.
13. Молекулярные методы исследования: Вестерн-блоттинг, электрофорез
14. Молекулярные методы исследования: методы иммунохимии, масс-спектрометрия
15. Хранилище общедоступных данных для протеомики – PRIDE.
16. ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков - Mascot (MatrixScience).
17. Возможности предсказания и расчета структуры белка. Современные методы.
18. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий.
19. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул. Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул.
20. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур.
25. Свободно доступная система баз данных с открытым исходным кодом – InterAct.
26. База данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая - Reactome.
27. Курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий – BioGrid.
28. BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес.
29. Современные методы геномики и протеомики.
30. Понятие о хранилище данных для метаболомных исследований. База знаний о свойствах отдельных метаболитов.
31. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий.
32. Биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом.

6. Критерии оценивания результатов обучения

Для зачета:

| Результаты обучения | Критерии оценивания | |
|---|---|---|
| | Не зачтено | Зачтено |
| Полнота знаний | Уровень знаний ниже минимальных требований. Имели место грубые ошибки. | Уровень знаний в объеме, соответствующем программе подготовки. Могут быть допущены несущественные ошибки |
| Наличие умений | При решении стандартных задач не продемонстрированы основные умения. Имели место грубые ошибки. | Продемонстрированы основные умения. Решены типовые задачи, выполнены все задания. Могут быть допущены несущественные ошибки. |
| Наличие навыков (владение опытом) | При решении стандартных задач не продемонстрированы базовые навыки. Имели место грубые ошибки. | Продемонстрированы базовые навыки при решении стандартных задач. Могут быть допущены несущественные ошибки. |
| Мотивация (личностное отношение) | Учебная активность и мотивация слабо выражены, готовность решать поставленные задачи качественно отсутствуют | Проявляется учебная активность и мотивация, демонстрируется готовность выполнять поставленные задачи. |
| Характеристика сформированности компетенции | Компетенция в полной мере не сформирована. Имеющихся знаний, умений, навыков недостаточно для решения практических (профессиональных) задач. Требуется повторное обучение | Сформированность компетенции соответствует требованиям. Имеющихся знаний, умений, навыков и мотивации в целом достаточно для решения практических (профессиональных) задач. |
| Уровень сформированности компетенций | Низкий | Средний/высокий |

Для тестирования:

Оценка «5» (Отлично) - баллов (100-90%)

Оценка «4» (Хорошо) - балла (89-80%)

Оценка «3» (Удовлетворительно) - балла (79-70%)

Менее 70% – Неудовлетворительно – Оценка «2»

Полный комплект оценочных средств для дисциплины «Биоинформатика в медицине» представлен на портале СДО Приволжского исследовательского медицинского университета – ссылка <https://sdo.pimunn.net/course/view.php?id=3851>

Разработчики:

Иудин Д.И.- заведующий кафедрой медицинской биофизики, д.ф.-м.н., д.б.н., профессор;

Малиновская С.Л.- доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры медицинской биофизики.

«18» января 2023 г.