Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Таскаев Сергей Валерьевич
Должность: Ректор
Дата подписания: 16.09.2025 14:40:59
Уникальный программный ключ:
04c19ed8bfb98f3b6cb77a486b9a8788b8922929

Фонд оценочных средств
для промежуточной аттестации
по дисциплине (модулю)

Биоинформатика

Направление подготовки (специальность)
30.05.01 Медицинская биохимия
30.05.02 Медицинская биофизика
30.05.03 Медицинская кибернетика

Присваиваемая квалификация
Врач-биохимик; Врач-биофизик; Врач-кибернетик

Форма обучения
очная

Челябинск 2025 г.

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

ПАСПОРТ ФОНДА ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

Специальность: 30.05.01 Медицинская биохимия; 30.05.02 Медицинская биофизика; 30.05.03 Медицинская кибернетика.
Направленность (профиль): Медицинская биохимия; Медицинская биофизика; Медицинская кибернетика.Дисциплина: Биоинформатика
Семестр (семестры) изучения: 7.
Форма (формы) промежуточной аттестации: зачет.

1. ПЕРЕЧЕНЬ ФОРМИРУЕМЫХ КОМПЕТЕНЦИЙ

2.1. Компетенции, закреплённые за дисциплиной

Изучение дисциплины «Биоинформатика» направлено на формирование следующих компетенций:

Коды компетенции согласно ФГОС (ОПОП ВО)	Содержание компетенций согласно ФГОС (ОПОП ВО)	Индикаторы достижения компетенции согласно ОПОП	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине
1	2	3	4
ОПК-6	Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности; выполнять требования информационной безопасности.	ОПК-6.1. Применяет специализированное программное обеспечение для математической обработки данных наблюдений и экспериментов при решении задач профессиональной деятельности. ОПК-6.2. Осуществляет эффективный поиск информации, необходимой для решения задач профессиональной деятельности, с использованием правовых справочных систем и профессиональных медико-биологических баз данных.	Для достижения ОПК-6.1. знать: программное обеспечение для математической обработки данных наблюдений и экспериментов. Для достижения ОПК-6.2. знать: основы использования библиотек справочных систем и профессиональных медико-биологических баз данных. Для достижения ОПК-6.1. уметь: применять специализированное программное обеспечение для математической обработки данных наблюдений и экспериментов при решении задач профессиональной деятельности. Для достижения ОПК-6.2. уметь: осуществлять эффективный поиск информации, необходимой для решения задач профессиональной деятельности. Для достижения ОПК-6.1. владеть: навыками математической обработки данных наблюдений и экспериментов. Для достижения ОПК-6.2. владеть: навыками поиска информации, необходимой для решения задач профессиональной деятельности, с использованием правовых справочных систем и профессиональных медико-биологических баз данных.

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

2. СОДЕРЖАНИЕ ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

2.1 Виды оценочных средств

№ п/п	Код компетенции/ планируемые результаты обучения	Контролируемые темы/ разделы	Наименование оценочного средства для текущего контроля	Наименование оценочного средства на промежуточной аттестации/№ задания
1	ОПК-6: Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности; выполнять требования информационной безопасности.	Тема 1. Биоинформатика как наука. Тема 2. Базы данных. Тема 3. Уровни структурной организации белков. Тема 4. Методы определения пространственной структуры биополимеров. Тема 5. Предсказание функциональных особенностей биополимеров по последовательности. Тема 6. Эволюция на уровне молекул. Тема 7. Сравнение последовательностей.	Вопросы для устного опроса, тесты, ситуационные задачи.	Вопросы и тесты для зачета.

Типовые задания, критерии и показатели оценивания в рамках текущего контроля представлены в рабочей программе дисциплины (модуля). Полные комплекты оценочных средств и контрольно-измерительных материалов хранятся на кафедре.

2.2 Содержание оценочных средств

Тесты для зачета:

Время тестирования: 45 минут

Форма проведения: тестирование

Количество вариантов: 2

Количество вопросов для тестирования: 20

Критерии оценивания:

- оценка «отлично» выставляется студенту, если задание выполнено на 91-100%;
- оценка «хорошо» выставляется студенту, если задание выполнено на 81-90%;
- оценка «удовлетворительно» выставляется студенту, если задание выполнено на 70-80%;
- оценка «неудовлетворительно» выставляется студенту, если задания выполнено менее чем на 70%.

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

Вариант 1.

1. Тип выравнивания, где производится сравнение последовательностей целиком: каждый нуклеотид (аминокислота) находит себе пару:

а) локальное

б) глобальное

в) идеальное.

2. Участок ДНК, копии которых удаляются из первичного транскрипта и отсутствуют в зрелой РНК:

а) экзон

б) кодон

в) интрон.

3. Что такое ORF:

а) районы ДНК, которые начинаются со стоп-кодона

б) открытые рамки считывания

в) олигонуклеотидный полиморфизм.

4. Лечение заболеваний, вызванных дефектными белками или отсутствием белка, включает:

а) диагностику заболеваний

б) определение мишеней для выбора медикаментов

в) обеспечение организма нормальным белком.

5. Файл aln это:

а) данные выравнивания программы Clustal, в котором записано значение вероятности различия выборок

б) данные выравнивания программы Clustal, в котором записаны ряды последовательности

в) данные выравнивания программы Clustal, в котором записано значение вероятности сходства выборок.

6. Что определяют карты сцепленности генов:

а) находятся ли гены на одной хромосоме, или на разных

б) TS-маркеры, сцепленные с интересующим геном

в) представление порядка следования физических маркеров.

7. Для решения каких задач могут использоваться ДНК-чипы:

а) определения экспрессии разных белков путем обнаружения тРНК

б) определения экспрессии разных белков путем обнаружения мРНК

в) определения экспрессии разных белков путем обнаружения рРНК.

8. Что такое апоптоз:

а) не регулируемый процесс клеточной гибели, в результате которого клетка распадается на отдельные апоптотические тельца

б) регулируемый процесс программируемой гибели клеточной гибели, в результате которого клетка распадается на отдельные апоптотические тельца

в) стохастический процесс клеточной гибели, в результате которого клетка распадается на отдельные апоптотические тельца.

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

9. Что такое выравнивание:

а) поиск сходства между последовательностями

б) поиск различия между последовательностями

в) поиск дальнородственных последовательностей.

10. Если вторичная структура белка регулярна, то в ней присутствуют:

а) α-, β-, (α+β), α/β

б) повороты, петли, концевые домены

в) α-спирали, β-листы.

11. Структурирующие аминокислоты:

а) пролин, лейцин, глицин

б) тирозин, серин, валин

в) триптофан, фенилаланин, изолейцин

12. Структуры белков будут гомологичные в удовлетворительной для моделирования степени, если последовательности аминокислот идентичны минимум на:

а) 50%

б) 70%

в) 20%

г) 30%.

13. Что такое FASTA:

а) обычный текстовый файл, в котором записываются нуклеотидные или аминокислотные последовательности

б) система правил (спецификация) однозначного описания состава и структуры молекулы химического вещества с использованием строки символов.

14. SINE:

а) короткие распределенные генетические элементы

б) длинные распределенные генетические элементы.

15. Что значит секвенирование:

а) определение последовательности аминокислот в молекуле

б) определение последовательности нуклеотидов в молекуле

в) определение последовательности аминокислот и нуклеотидов в молекулах.

16. К этапам сравнительного моделирования белков НЕ относится:

а) выравнивание аминокислотных последовательностей моделируемого белка с белком известной структуры

б) определение сегментов основной цепи, являющихся вставками или делециями

в) замена боковых цепей, содержащих мутировавшие остатки

г) проверка модели на наличие конфликтов между атомами

д) уточнение модели путем максимизации энергии.

17. PSI-BLAST:

а) сравнение с целью поиска последовательностей, обладающих незначительным сходством

б) сравнение последовательностей с целью поиска консервативных доменов

в) сравнение с целью поиска последовательностей, обладающих значительным сходством.

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

18. Структурная биоинформатика изучает:

а) выравнивание и определение сходства двух последовательностей

б) предсказание функциональных участков белковой молекулы

в) предсказание генов в последовательностях.

19. К архивным базам данных относится:

а) PFAM

б) Swiss-Prot

в) GeneBank

г) NCBI Entrez.

20. Паралоги:

а) последовательности, возникшие из одного общего предшественника в результате дупликации одного гена в одном организме

б) последовательности, возникшие из одного общего предшественника в процессе видообразования.

Вариант 2

1. Участок ДНК, сохраняемый в зрелой информационной РНК, которую рибосома транслирует в белок:

а) интрон

б) кодон

в) экзон.

2. Если вторичная структура белка не регулярна, то в ней присутствуют:

а) α-, β-, (α+β), α/β

б) повороты, петли, концевые домены

в) α-спирали, β-листы.

3. Что такое Blastx:

а) поиск в базе белков, с использованием формы запроса транслированных нуклеотидов

б) поиск в белковой БД, с использованием пептидной формы запроса

в) поиск в БД нуклеотидов, с использованием нуклеотидной формы запроса.

4. Геномика – это:

а) исследование белковых молекул, их аминокислотной последовательности и пространственной структуры

б) систематическое изучение метаболических профилей процессов, протекающих в живых клетках

в) раздел молекулярной генетики, посвящённый изучению генома и генов живых организмов.

5. Сервис, предназначенный для сравнения изучаемой аминокислотной последовательности белка с имеющейся базой данных белков и их участков:

а) Blastp

б) Blastn

в) Blastx.

6. Белок, полученный по геномной последовательности, является гипотетическим объектом:а) пока не будет получена кристаллическая форма белка

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

б) пока его существование не будет подтверждено экспериментом

в) пока про него не выйдет научная статья с полным описанием.

7. «Структурирующие» аминокислоты:

а) Trp, Phe, Ile

б) Trp, Phe, Pro

в) Gly, Ser, Pro.

8. ClustalW – это программа с:

а) графическим интерфейсом

б) интеллектуальным интерфейсом

в) интерфейсом командной строки.

9. Что такое глобальное выравнивание:

а) поиск наиболее схожих фрагментов в последовательности

б) запись последовательности одна под другой, так чтобы гомологичные фрагменты оказались друг под другом

в) сравнение последовательности целиком.

10. PDB относится к:

а) архивным базам данных

б) курируемым базам данных

в) автоматическим базам данных

г) интегрированным базам данных.

11. Белковая структура α/β:

а) спирали и листы собраны из β-α-β-структурных единиц

б) вторичная структура почти исключительно содержит β-листы

в) α—спирали и β—листы находятся в разных частях молекулы.

12. Заряженные аминокислоты:

а) глутамин и валин

б) лизин и аргинин

в) аргинин и валин.

13. LINE:

а) короткие распределенные генетические элементы

б) длинные распределенные генетические элементы.

14. Что такое PubMed:

а) библиографическая база, бесплатная версия MEDLINE

б) база данных производного типа

в) библиографическая база данных об аминокислотах и их последовательностях.

15. К производным базам данных относится:

а) PFAM

б) Swiss-Prot

в) GeneBank

г) NCBI Entrez.

16. Мембранные белки имеют следующую структуру последовательности:

а) случайную

б) блочную

в) периодическую.

17. Что такое выравнивание последовательностей:а) определение соответствия между остатками

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

б) сравнение физической структуры между двумя последовательностями

в) теоретическое подстраивание одной последовательности под другую с целью их дальнейшего изменения.

18. Отличить случайное подобие белков от отдаленного отношения позволяет метод:

а) Ab initio

б) распознавания сверток

в) сравнительного моделирования

г) энергетический подход.

19. Оценить качество 3D-модели белковой структуры можно при помощи сервиса:

а) Fasta

б) Blast

в) ProSA

г) SOPMA.

20. Предсказать вторичную структуру белка можно при помощи сервиса:

а) SOPMA

б) Fasta

в) AutoDock

г) ProSA

Вопросы к зачету:

1. Классификация баз данных в биоинформатике.

Примерный план ответа:

а) По типу данных;

б) По сфере охвата данных;

в) По уровню курирования;

г) По методу курирования;

д) Функции баз данных ДНК;

е) Функции геномных баз данных;

ж) Примеры баз данных ДНК, РНК, белков.

2. Сервис BLast.

Примерный план ответа:

а) Основное назначение;

б) Основные инструменты;

в) Специальные возможности;

г) Этапы поиска;

д) Алгоритм Blast;

е) Отличия возможностей Megablast от blastn.

3. Информационно-поисковая система NCBI.

Примерный план ответа:

а) Ключевые элементы;

б) Типы идентификаторов RefSeq;

в) Формат FASTA;

г) Наиболее популярные ресурсы NCBI;

д) Характеристика ресурса PubMed.

4. Сайт EMBL-EBI. Примерный планответа:

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

а) Общая информация о сайте;
б) Базы данных;
в) Инструменты.
5. Геномный браузер ENSEMBL.

Примерный план ответа:
а) Основные разделы сервиса Ensembl;
б) Источники данных для транскриптов Ensembl;
в) БД Ensembl Variation;
г) БД Ensembl Regulation;
д) Аннотации генов в Ensembl.
6. Геномный браузер UCSC.
Примерный план ответа:
а) Общая характеристика;
б) Инструменты;
в) Table Browser;
г) Конфигуратор треков UCSC;
д) Функции Genome Browser UCSC и Gene Sorter UCSC.
7. Парное выравнивание последовательностей.
Примерный план ответа:
а) Определение;
б) Определение терминов: гомологи, ортологи, паралоги, глобальное и локальное выравнивание;
в) Методы;
г) Инструменты глобального и локального выравнивания.
8. Парное выравнивание последовательностей.
Примерный план ответа:
а) Инструменты глобального и локального выравнивания;
б) Матрица PAM;
в) Матрица BLOSUM.
9. Множественное выравнивание.Примерный план ответа:
а) Определение;
б) Этапы;
в) Методы (MUSCLE, MAFFT);
г) Характеристика программы Clustal Omega.
10. Анализ экспрессии генов с помощью микрочипов.
Примерный план ответа:
а) Варианты платформ микрочипов;
б) MIAME-стандартизация;
в) Механизм анализа данных;
г) Применение анализа экспрессии генов;
д) Работа с данными экспериментов MICROARRAY в GEO и GEO2R.

11. Базы данных биологических путей. Примерный план ответа:
а) Классификация;

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

б) Подходы для визуализации биологических путей;
в) Примеры;
г) БД KEGG.

12. Базы данных биологических путей.

Примерный план ответа:
а) Классификация;
б) Подходы для визуализации биологических путей;
в) Примеры;
г) Reactome.

13. Web-ресурсы для исследования белков.
Примерный план ответа:
а) Форматы представленных данных;
б) Структура ресурса;
в) Инструменты;
г) PDB.

14. Web-ресурсы для исследования белков.
Примерный план ответа:
а) Форматы представленных данных;
б) Структура ресурса;
в) Инструменты;
г) Pfam.

15. Web-ресурсы для исследования белков.
Примерный план ответа:
а) Форматы представленных данных;
б) Структура ресурса;
в) Инструменты;
г) Uniprot.

16. Программы для молекулярного докинга.
Примерный план ответа:
а) Суть метода молекулярного докинга;
б) Виды докинга (жесткий гибкий консенсусный);
в) Алгоритм конформационного поиска;
г) Типы оценочных функций;
д) Применение AutoDock с AutoDockTools (компоненты оценочной функции, алгоритм использования, структура и содержание файлов с расширением gpf).

17. Моделирование свойств белков.
Примерный план ответа:
а) Моделирование гомологий;
б) Распознавание сверток;
в) Предсказание вторичной структуры (на примере SOPMA);
г) Предсказания *ab initio;*
д) Сервисы Expasy;
е) Моделирование в SWISS-MODEL.

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

18. Ресурсы для анализа метаболизма.

Примерный план ответа:

а) Классификация ресурсов для исследования метаболизма;

б) Основные представители;

в) Дать характеристику сервисам Metrabase, ChemSpider.

19. Ресурсы для анализа метаболизма.

Примерный план ответа:

а) Классификация ресурсов для исследования метаболизма;

б) Основные представители;

в) Дать характеристику сервисам ExplorEnz, ChEMBL.

20. Биотехнические системы.

Примерный план ответа:

а) Типы биотехнических систем;

б) MIRIAM;

в) Сервисы-репозитории для динамических моделей биохимических систем;

г) Программа 3D slicer;

д) Инструменты для работы с дискретными моделями молекулярных систем;

е) Инструменты для работы с непрерывными и стохастическими моделями молекулярных систем.

4. ПОРЯДОК ПРОВЕДЕНИЯ И КРИТЕРИИ ОЦЕНИВАНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

4.1. Порядок проведения промежуточной аттестации

Промежуточная аттестация проводится в форме зачета. Зачет проводиться в два этапа. На первом этапе обучающийся решает 20 тестовых вопросов закрытого типа. На каждый вопрос предлагается несколько вариантов ответа, правильный только один вариант. Продолжительность – 45 минут. Второй этап проводиться в виде собеседования по вопросам дисциплины.

4.2. Критерии оценивания

4.2.1. Критерии оценивания теста

Оценка	Отлично/	Хорошо/	Удовлетворительно/	Неудовлетворительно/
	91-100 %	81-90 %	70-80%	менее 70%
Уровень освоения проверяемых компетенций	высокий	средний	базовый	недостаточный

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

4.2.2. Критерии оценивания теоретического вопроса

Максимальный балл за ответ на теоретический вопрос — 5 баллов.

Отлично/ зачтено/ 5 баллов	**Хорошо/ зачтено/ 4 балла**	**Удовлетворительно /зачтено/ 3 балла**	**Неудовлетворительно/ незачтено/ 2 балла**
Высокий уровень	Средний уровень	Базовый	Недостаточный
освоения проверяемых компетенций	освоения проверяемых компетенций	уровень освоения проверяемых компетенций	уровень освоения проверяемых компетенций
Обучающийся отлично знает материал, умеет анализировать проблему и аргументировано изложить свою точку зрения, владеет достаточным для высказывания лексическим запасом, грамотно изъясняется с использованием точных терминов и названий. Обучающийся практически не допускает ошибок.	Обучающийся хорошо знает материал, умеет анализировать проблему и аргументировано изложить свою точку зрения, владеет достаточным для высказывания лексическим запасом, грамотно изъясняется с использованием точных терминов и названий. Обучающийся допускает незначительные ошибки.	Обучающийся знаком с материалом, владеет достаточным для высказывания лексическим запасом. Обучающийся допускает фактические ошибки, не оперирует лексическим запасом по теме.	Обучающийся не знает основных положений вопроса, не ориентируется в основных понятиях, излагает материал с трудом, с грубыми фактическими ошибками, либо отказывается от ответов на вопросы.

4.3 Результаты промежуточной аттестации и уровни сформированности компетенций

Критерием успешности освоения учебного материала является экспертная оценка преподавателя, учитывающая регулярность посещения лекционных, лабораторных и семинарских занятий, знаний теоретического раздела программы по дисциплине (в том числе и материала самостоятельного изучения), которые оцениваются устным опросом по вопросам дисциплины, результатам написания тестов и решения ситуационных задач. Качество усвоения знаний завершается зачетом.

Особенности проведении процедуры оценивания результатов обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья обозначены в рабочей программе дисциплины (модуля).

Уровни сформированности компетенций определяется следующим образом:

1. Высокий уровень сформированности компетенций соответствует оценке «отлично»:

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

- предполагает формирование компетенций на высоком уровне, готовность к самостоятельной профессиональной деятельности: формируется комплексное знание основополагающих концепций биоинформатики; основных задач, которые решаются в рамках биоинформатики; информационных технологий, которые используются при решении задач биоинформатики; способов поиска, организации и анализа данных; формируются навыки анализировать различные типы биологических данных; предсказывать структуру и функции биополимеров по известной последовательности; находить и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, нуклеино- вых кислот;

- студент способен аргументировать собственную точку зрения по дискуссионным вопросам разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема, критически оценивать информацию, формулировать собственные выводы.

2. Средний уровень соответствует оценке «хорошо»:

- предполагает формирование компетенций на хорошем уровне: знание основных технологий, которые используются при решении задач биоинформатики; формируются навыки анализировать различные типы биологических данных; предсказывать структуру и функции биополимеров по известной последовательности; находить и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, нуклеиновых кислот;

- студент способен давать развернутые ответы на теоретические вопросы дисциплины грамотно используя терминологию биоинформатики, отвечать на вопросы теста. Количество правильных ответов –80-90 %.

3. Базовый уровень соответствует оценке «удовлетворительно»:

- предполагает формирование компетенций на начальном уровне: знание основных баз данных геномов и белков и умение работать с ними;

- студент способен отвечать на вопросы в форме теста. Количество правильных ответов – не менее 70%.

4. Низкий уровень соответствует оценке «неудовлетворительно»: отсутствие знаний значительной части программного материала; неправильные ответы на вопросы, существенные и грубые ошибки в ответах, недопонимание сущности излагаемых вопросов, грубые ошибки в чтении графиков, схем; неумение применять теоретические знания при решении практических задач, отсутствие навыков в обосновании выдвигаемых предложений и принимаемых решений.

Высокий уровень, средний уровень, базовый уровень – «зачтено»; низкий уровень – «незчатено».

© ФГБОУ ВО «ЧелГУ»

Направление подготовки (специальность) 30.05.01 Медицинская биохимия, 30.05.02 Медицинская биофизика, 30.05.03 Медицинская кибернетика

Год(ы) набора 2024, очно "Биоинформатика", Год(ы) набора 2025, очно

Фонд оценочных средств дисциплины (модуля) одобрен и рекомендован:

Проректор по учебной работе утверждено 24.02.2025 А.А. Саламатов

Ученым советом факультета фундаментальной медицины
Протокол заседания № 2 от 10.02.2025

Председатель Ученого совета факультета фундаментальной медицины согласовано О.Б. Цейликман

Заседанием кафедры Общей и клинической патологии

Протокол заседания № 2 от 10.02.2025

Заведующий кафедрой согласовано О.Н. Егоров

Автор (составитель) И.И. Клебанов

Структура рабочей программы соответствует приказу ректора ФГБОУ ВО «ЧелГУ» от «13» апреля 2021 г. № 247-1