

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ НАУЧНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
«НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ БИОМЕДИЦИНСКОЙ ХИМИИ
ИМЕНИ В.Н. ОРЕХОВИЧА» (ИБМХ)

«ПРИНЯТО»
на заседании Ученого совета ИБМХ
Протокол № 2 от «18» сентября 2016 г.



«УТВЕРЖДАЮ»
Директор ИБМХ, член-корр. РАН
Лисица А.В.
«19» сентября 2016 г.

ФОНДЫ ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ
ПО ДИСЦИПЛИНЕ
МАТЕМАТИЧЕСКАЯ БИОЛОГИЯ, БИОИНФОРМАТИКА

Направление подготовки: 06.06.01 биологические науки

Уровень образования: высшее образование – подготовка кадров высшей квалификации

Квалификация выпускника: Исследователь. Преподаватель – исследователь.

Москва, 2016 г.

1. Содержание дисциплины с указанием формируемых компетенций

№ п/п	Контролируемые разделы (темы) дисциплины	Код контролируемой компетенции или ее части	Наименование оценочного средства
1.	Биоинформатические базы данных. Основы поиска записей, их использование в практической работе. Геномные браузеры.	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
2.	Парное выравнивание. Матрицы замен. BLAST, PSI-BLAST	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
3.	Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
4.	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
5.	Структурная биоинформатика	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
6.	Язык программирования R	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
7.	Методы машинного обучения	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
8.	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3,	Контрольный опрос, итоговый

	геномов.	ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	контроль по курсу – экзамен
9.	Биоинформатические подходы к анализу РНК. Экспрессия генов: анализ микроэрейных данных	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
10.	Биоинформатика для протеомных исследований.	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
11.	Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен
12.	Биоинформатика в медицинских исследованиях и клинике	ОПК-1, ОПК-2, ПК-1, ПК-2, ПК-3, ПК-4, ПК-5, УК-1, УК-2, УК-3, УК-4, УК-5	Контрольный опрос, итоговый контроль по курсу – экзамен

2. Оценочные средства для контроля компетенций

Учебный план, разработанный в соответствии с ФГОС высшего образования по направлению подготовки 06.06.01 Биологические науки (уровень подготовки кадров высшей квалификации), утвержденному приказом Минобрнауки РФ № 871 от 30 июля 2014 г., по направленности (профилю) программы предусматривает контроль знаний в форме зачетов (стобалльная система) и кандидатского экзамена с выставлением оценок по пятибалльной системе.

3. Форма текущей, промежуточной и итоговой проверки и оценки знаний

Текущий контроль успеваемости проводятся в соответствии с Порядком проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации аспирантов ИБМХ.

Формой текущего контроля при прохождении дисциплины является контроль посещаемости занятий.

Устный контрольный опрос проводится на лекциях. Цель устного контрольного опроса - оценка самостоятельной работы аспирантов по вопросам тем теоретического содержания.

Форма промежуточной аттестации – зачет, который проводится в конце семестра и кандидатский экзамен, который проводится после завершения изучения дисциплины.

Промежуточная аттестация по семестрам

Семестр	2 семестр	3 семестр	4 семестр	5 семестр
форма аттестации	зачет	зачет	зачет	зачет кандидатский экзамен

Итоговый контроль по курсу - кандидатский экзамен.

3. Форма текущей, промежуточной и итоговой проверки и оценки знаний

Текущий контроль успеваемости проводится в соответствии с Порядком проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации аспирантов ИБМХ.

Текущий контроль осуществляется на лекциях в форме устного контрольного опроса и проведения экзамена.

Устный контрольный опрос проводится на лекциях. Цель устного контрольного опроса - оценка самостоятельной работы аспирантов по вопросам тем теоретического содержания. Вопросы опроса не должны выходить за рамки объявленной для данного занятия темы. Устные опросы необходимо строить так, чтобы вовлечь в тему обсуждения максимальное количество обучающихся в группе, проводить параллели с уже пройденным учебным материалом данной дисциплины и смежными курсами. Основные вопросы для устного опроса доводятся до сведения студентов на предыдущем практическом занятии.

Промежуточная аттестация по дисциплине завершает изучение курса и проходит в виде экзамена. Для допуска к экзамену требуется посещаемость не менее 80% лекционных и практических занятий.

4. Вопросы для экзамена

1. Как организовать поиск по всем базам данных NCBI?
2. Что такое выравнивание биологических последовательностей, в каких случаях его можно применять?
3. Объясните параметр threshold при проведении множественного выравнивания.
4. Какие разделы входят в GeneBank?
5. Для чего используют программу MEGA?

6. В каких случаях применяют BLAST NCBI?
7. Как скачать полный геном какого-либо организма?
8. Объясните параметр score.
9. Сколько сравнений происходит при использовании алгоритма blastp?
10. Что такое Accession Number, GI, Version Number?
11. Какая информация содержится в базе данных UniProt?
12. Объясните предназначение матрицы замен BLOSUM и PAM
13. Перечислите способы доступа к данным GeneBank.
14. Объясните понятие pathway, применяемое в базе данных KEGG.
15. Какие данные могут быть использованы для построения филогенетического дерева?
16. Какая информация содержится в базе данных KEGG?
17. О чем говорит параметр выравнивания E-value?
18. Как запустить PSI-BLAST?
19. Какая информация содержится в базе данных OMIM?
20. Каков принцип построения филогенетического дерева?
21. Как используется формат FASTA при проведении множественного выравнивания?
22. Компоненты и структура филогенетического дерева
23. Что такое регионы низкой сложности (low complexity regions)?
24. Концепция молекулярных часов.
25. Технология RNASeq.
26. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот.
27. Выравнивания последовательностей.
28. Поиск научной информации с помощью PubMed.
29. Филогенетические деревья.
30. Анализ SNP в клинических исследованиях.
31. PDB. Структура PDB файла.
32. Основные научные проекты - генераторы молекулярно биологических данных
33. Анализ геномных вариаций.
34. Использование анализа экспрессии генов в диагностике и терапии.
35. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная).
36. Сборка геномов.
37. Каков принцип построения филогенетического дерева?
38. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги.
39. Основная догма молекулярной биологии. Матричный принцип. Процессы репликации, транскрипции, трансляции. Генетический код.
40. Структурная организация генов и геномов. Экзон-интронная структура. Хромосомы.
41. Транскрипция и её регуляция. Транскрипционные факторы. Типы регуляторных районов транскрипции. Структура и функция промотора.

42. Структурно-функциональные характеристики белков и нуклеиновых кислот.
43. Структура и функция РНК. Экспериментальные методы определения структуры РНК.
44. Трансляция РНК. Регуляция трансляции.
45. Структура и функция белков. Выравнивание белковых структур. Распознавание функциональных сайтов и мотивов в белках.
46. Функциональная геномика. Понятие экспрессии генов. Экспериментальные методы анализа экспрессии.
47. Посттрансляционные модификации в белках. Структурно-функциональное значение. Методы экспериментального определения и компьютерного предсказания.
48. Системная биология. Генные и метаболические сети, регуляторно-сигнальные пути. Экспериментальное изучение и компьютерное моделирование.
49. Персонализированная медицина. Понятие об исследованиях ассоциаций (GWAS) Современное состояние и перспективы развития.
50. Основные экспериментальные методы молекулярной биологии. Клонирование, ПЦР, секвенирование по Сэнгеру, Массовое секвенирование (NGS) и связанные с ним подходы. Масс-спектрометрия.
51. Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований.
52. Теория вероятностей и статистика. Случайные величины. Статистические критерии. Понятие о множественном тестировании. Байесов подход, понятие об априорной и апостериорной вероятности.
53. Понятие алгоритма. Алгоритмы на графах, алгоритмы на строках. Вычислительная сложность; проблема NPC.
54. Методы машинного обучения. Решающие деревья, случайный лес, метод поддерживающих векторов (SVM), регрессионный анализ, кластерный анализ, факторный анализ. Оценка качества обучения. Проблема переобученных моделей.
55. Основные понятия о базах данных. Структура и содержание базы данных. Таблицы, поля, запросы.
56. Методы дискретной оптимизации. (Метод ветвей и границ. Метод динамического программирования. Стохастические методы).
57. Основные информационные ресурсы и базы данных по молекулярной биологии. Архивные, курируемые и производные базы данных.
58. Понятия Data mining и Text mining.
59. Задача сравнения генетических и белковых последовательностей. Методы выравнивания: парное и множественное, локальное и глобальное.
60. Алгоритм глобального выравнивания Нидлмана-Вунша (Needleman-Wunsh).
61. Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman).

62. Вероятностные модели последовательностей. Марковские модели; Скрытые Марковские модели.
63. Алгоритмы Витерби и апостериорного декодирования. Обучение марковских моделей.
64. Распознавание структурно-функциональных мотивов в генетических текстах. Понятие консенсуса, весовой матрицы. Оценка точности распознавания.
65. Предсказание структур РНК. Алгоритм Нуссонофф, сравнительный подход и метод ковариаций.
66. Графы де Брюйна и алгоритмы сборки геномов. Форматы данных секвенирования. Анализ качества данных секвенирования.
67. Геномные браузеры UCSC, NCBI Map Viewer, Ensembl.
68. Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изoeлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.
69. Физико-математические модели биомакромолекул. Модели подвижности ДНК.
70. Основные методы и подходы к моделированию генных сетей.
71. Моделирование пространственной структуры белка.
72. Методы анализа регуляторных и сигнальных путей с целью приоритизации фармакологических мишеней.

5. Оценивание результатов обучения

Критерии оценивания зачетов:

Оценка «удовлетворительно» (51-68 баллов) - правильные и конкретные, без грубых ошибок ответы на основные вопросы. Наличие отдельных неточностей в ответах. В целом правильные ответы с небольшими неточностями на дополнительные вопросы. Некоторое использование в ответах на вопросы материалов рекомендованной литературы.

Оценка «хорошо» (69-85 баллов) - твердые и достаточно полные знания программного материала, понимание сущности рассматриваемых процессов и явлений. Последовательные и правильные, но недостаточно развернутые ответы на основные вопросы. Правильные ответы на дополнительные вопросы. Ссылки в ответах на вопросы на отдельные материалы рекомендованной литературы.

Оценка «отлично» (86-100 баллов) - глубокие исчерпывающие знания всего программного материала, понимание сущности и взаимосвязи рассматриваемых процессов и явлений. Логически последовательные, полные, правильные и конкретные ответы на все основные вопросы. Правильные и конкретные ответы на дополнительные вопросы. Использование в необходимой мере в ответах на вопросы материалов всей рекомендованной литературы.

Оценка «неудовлетворительно» (0-50 баллов) выставляется в случае, когда количество неправильных ответов превышает количество допустимых для положительной

оценки.

Критерии кандидатского экзамена:

1) Оценка «удовлетворительно» - правильные и конкретные, без грубых ошибок ответы на основные вопросы. Наличие отдельных неточностей в ответах. В целом правильные ответы с небольшими неточностями на дополнительные вопросы. Некоторое использование в ответах на вопросы материалов рекомендованной литературы.

Оценка «хорошо» - твердые и достаточно полные знания программного материала, понимание сущности рассматриваемых процессов и явлений. Последовательные и правильные, но недостаточно развернутые ответы на основные вопросы. Правильные ответы на дополнительные вопросы. Ссылки в ответах на вопросы на отдельные материалы рекомендованной литературы.

Оценка «отлично» - глубокие исчерпывающие знания всего программного материала, понимание сущности и взаимосвязи рассматриваемых процессов и явлений. Логически последовательные, полные, правильные и конкретные ответы на все основные вопросы. Правильные и конкретные ответы на дополнительные вопросы. Использование в необходимой мере в ответах на вопросы материалов всей рекомендованной литературы.

Оценка «неудовлетворительно» выставляется в случае, когда количество неправильных ответов превышает количество допустимых для положительной оценки.

Составители:

В.В. Поройков, д.б.н., профессор, зав. отделом биоинформатики ИБМХ и

А.А. Лагунин д.б.н., профессор РАН, в.н.с. лаборатории структурно-функционального конструирования лекарств отдела биоинформатики ИБМХ, зав. кафедрой биоинформатики медико-биологического факультета ФГБОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова