

ФГБОУ ВО Университет биотехнологий

Кафедра прикладной биоинформатики

Рег. № ПБп. 04-18
«20» января 20 26 г.

УТВЕРЖДЕН

на заседании кафедры

Протокол от «14» января 2026 г. № 5

Заведующий кафедрой



(подпись)

Е.В. Камалдинов

**ФОНД
ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ**

Б1.В.04 Биоинформатика

36.04.02 Зоотехния

Прикладная биоинформатика

Новосибирск 2026

**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. Genomestudio - 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. Genomestudio - 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. Genomestudio - 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 08-01-2025 (<http://edubiotech.ru/file/403/> : режим доступа свободный);

2. Положение «О проведении текущего контроля и промежуточной аттестации обучающихся»: СМК ПНД 77-01-2025 (<http://edubiotech.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»