ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН
ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ

Сведения о сертификате ЭП

Сертификат: 4187300118CCB3606C1AF1554B071263
Владелец: Бабин Владислав Николаевич
Действителен: с 08.12.2025 г. по 03.03.2027 г.

ФГБОУ ВО УНИВЕРСИТЕТ БИОТЕХНОЛОГИЙ

Кафедра информационных технологий и моделирования

Рег. № ПИН.03-500/3
«20» 01 2026 г.

УТВЕРЖДЕН
на заседании кафедры
Протокол от «16» 01 2026 г. № 5
Заведующий кафедрой
информационных технологий и
моделирования
_____ О.В. Агафонова
(подпись)

ФОНД

ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

Б1.В.ДВ.01.01 Биоинформатика
Шифр и наименование дисциплины

09.03.03 Прикладная информатика
Код и наименование направления подготовки

Прикладная информатика
Направленность (профиль)

Новосибирск 2026

Паспорт
фонда оценочных средств

№ п/п	Контролируемые разделы (темы) дисциплины	Код контролируемой компетенции (или ее части)	Наименование оценочного средства
1	***Общие вопросы биоинформатики и информационной биологии***		
1.1	*Уровни организации биологических объектов*	ПК-5	Опрос
1.2	*Интеграция гетерогенных данных в биоинформатике*		
2	***Анализ и обработка данных молекулярно-генетических исследований***		
2.1	*Анализ генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам.*	ПК-5	Опрос
2.2	*Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов*		
2.3	*Транскриптомика*		
2.4	*Протеомика*		
2.5	*Алгоритмы молекулярной эволюции. Построение филогенетического дерева.*		
2.6	Популяционно-генетический анализ		
	Контрольная работа	**ПК-5**	Задание к контрольной работе
	Зачёт с оценкой	**ПК-5**	Вопросы к зачету

ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ

Вопросы для опроса

Раздел 1. Общие вопросы биоинформатики и информационной биолог

1. Какие уровни организации биологических объектов можно выделит что характерно для каждого уровня?
2. Какова роль генетических макромолекул (ДНК, РНК, белки) организации клетки и передаче генетической информации?
3. В чем отличия организации геномов прокариот и эукариот?
4. Что представляет собой системная биология и какие методы использует для исследования биологических систем?
5. Что такое метаболические сети и как они участвуют в обмене вещест клетке?
6. Что такое экспрессия генов и какие механизмы регулируют этот процес
7. Какие процессы и механизмы лежат в основе передачи генетическ информации от ДНК?
8. В чем заключается компьютерное представление биологических объект и какие методы используются для обработки и анализа биологическ данных?
9. Какие методы классификации живых объектов существуют и чем о отличаются друг от друга?
10. Каким образом связаны геномы организмов с их эволюционны отношениями и специфическими чертами?
11. В чем заключается онтологическое моделирование данных биоинформатике?
12. Какие языки программирования наиболее часто используются биоинформатике?
13. Какие программно-инструментальные средства широко применяются д работы с биоинформацией?
14. Какие методы интеграции приложений используются в биоинформати для объединения гетерогенных данных?
15. Какую роль играют базы данных белков и генов в биоинформатике?
16. Какие проблемы возникают при интеграции данных из различны источников в биоинформатике?
17. Какие подходы используются для сопоставления данных из разных б данных белков и генов?
18. Какие алгоритмы используются для поиска и анализа биологическ данных в биоинформатике?
19. Какие методы обработки данных применяются для интеграции геномны и протеомных данных?
20. Что такое биологическая сеть в биоинформатике и какие существую 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 аллей и генотипов в популяциях?
16. Чем отличается миграция от инбридинга?
17. Какие процедуры можно использовать для обработки семейных данны помощью объекта pedigree?
18. Что представляют собой корреляционные структуры, описывающ семейные отношения?
19. Что такое родство и идентичность по происхождению?
20. Как можно использовать рисование родословной в анализе генетическ данных?
21. Каким образом можно определить уровень инбридинга в популяции?
22. Какие методы могут быть использованы для оценки генетическо разнообразия в популяции?
23. Как можно использовать результаты популяционно-генетическо анализа для улучшения селекции и сохранения генетическо разнообразия?
24. Процедуры для обработки семейных данных с помощью библиоте pedigree.
25. Чем отличаются и для чего используются библиотеки kenship, pli genlib, pedigree в рамках работы с данными родословных?
26. В чем состоит значение использования библиотек genlib и pedigree д работы с генетическими данными родословных?
27. Какие аспекты родства и генотипов в популяциях наиболее важны д исследования генетического разнообразия?
28. Каким образом можно провести анализ родства и идентичности происхождению с использованием библиотеки kenship?
29. Genomestudio - программа для визуализации и анализа данн генетического секвенирования
30. Какие инструменты можно использовать для визуализации результат филогенетического анализа в R?

Критерии оценки:

- оценка «зачтено» выставляется студенту, который твердо усво программный материал, грамотно и по существу, без существенны неточностей отвечает на вопросы, владеет навыками и приема выполнения практических заданий;

- оценка «не зачтено» выставляется студенту, который не зна значительной части программного материала, допуска принципиальные ошибки, неуверенно, с большими затруднения выполняет практические задания.

Задания к контрольной работе

Контрольная работа 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 контрольной работы должно быть использовано не менее 20 источников литературы.
2. Контрольная работа должен быть хорошо отформатирован в следующем формате: шрифт 14, XO Thames.
3. Контрольная работа должен содержать сведения из оригинальных источников, а не составлен из ссылок и рефератов, позаимствованных из Интернета.
4. Объем контрольной работы должен быть не менее 15 страниц и не более 25
5. Все части контрольной работы, составленные по литературным источникам, должны быть логически связаны и объединены единой темой.
6. Контрольная работа должен быть хорошо структурирован, разбит на тематические разделы.
7. Презентация для защиты контрольной работы должна содержать не менее 15 слайдов.

Темы контрольной работы:

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 контрольной работы являются: актуальнос выбранной темы, глубина освоения материала, качество и всесторонно подбора и использования источников литературы, степе самостоятельности, обоснованности и аргументированности выводо предложений, общая культура изложения, уровень доклада и ответов вопросы. При неудовлетворительной защите контрольной работы (то ес работа не соответствует предъявляемым требованиям, содержанию и п ответах на вопросы студента были обнаружены серьезные пробелы профессиональных знаниях), ему назначается повторная защита.

- оценка «зачтено» выставляется студенту, если содержан контрольной работы в целом соответствует теме задани продемонстрировано знание фактического материала и уверенное владен понятийно - терминологическим аппаратом дисциплины, отсутству ошибки в употреблении терминов, ответы четко структурированы выстроены в заданной логике, работа выполнена аккуратно.

- оценка «не зачтено» выставляется студенту, если содержан контрольной работы не соответствует теме задания или соответствует ему очень малой степени, продемонстрировано крайне низкое знан фактического материала и слабое владение понятийно - терминологическ аппаратом дисциплины, присутствуют многочисленные ошибки употреблении терминов, ответ представляет собой сплошной текст б структурирования, нарушена заданная логика, работа выполне неаккуратно.

Вопросы к зачету (с оценкой)
(компетенции: **ПК-5**)

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 данн генетического секвенирования
24. Какие инструменты можно использовать для визуализации результат филогенетического анализа в R?

Критерии оценки зачета с оценкой:

Отметка **«отлично»** выставляется обучающемуся, если он глубоко прочно усвоил программный материал, исчерпывающе, последователь четко и логически стройно его излагает, умеет тесно увязывать теорию практикой, свободно справляется с задачами, вопросами и другими вида применения знаний, причем не затрудняется с ответом при видоизменен заданий, использует в ответе материал монографической литерату правильно обосновывает принятое решение, владеет разносторонни навыками и приемами выполнения практических задач.

Отметка **«хорошо»** выставляется обучающемуся, если он твердо зна материал, грамотно и по существу излагает его, не допуская существенн неточностей в ответе на вопрос, правильно применяет теоретическ положения при решении практических вопросов и задач, владе необходимыми навыками и приемами их выполнения.

Отметка **«удовлетворительно»** выставляется обучающемуся, если имеет знания только основного материала, но не усвоил его детал демонстрирует недостаточно систематизированы теоретические знан программного материала, допускает неточности, недостаточно правильн формулировки, нарушения логической последовательности в изложен программного материала, испытывает затруднения при выполнен практических работ.

Отметка **«неудовлетворительно»** выставляется обучающемуся который не знает значительной части программного материала, допуска существенные ошибки при его изложении, неуверенно, с больши затруднениями выполняет практические работы.

ЗАДАНИЯ ДЛЯ ОЦЕНКИ УРОВНЯ СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ

Задания для оценки сформированности компетенции ПК-5

1. 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.

2. 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**

3. Выберете 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

4. Базы данных биологической и биотехнологической информации.

5. Виды предоставляемой информации, инструменты для работы.

6. Филогенетический анализ это….

7. Библиотека в R, предназначенная для работы с генеалогически данными и построения генеалогических деревьев ….

8. Что означает встречаемость аллей 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

9. Что определяет родство по Х-хромосоме?

а) Родство между матерью и дочерью

б) Передачу генов от отца к дочери

в) **Наследование генов, расположенных на Х-хромосоме**

г) Отсутствие генов на Y-хромосоме

д) Идентичность по митохондриальной ДНК

10. Какая библиотека предназначена для работы с генеалогически данными и построения генеалогических деревьев?

а) kenship

б) **pedigree**

в) plink

г) genlib

д) GenoPro

11. Какова роль генных сетей и ассоциативных сетей в анали сложных биологических систем?

12. Что такое родство и идентичность по происхождению?

13. Как можно использовать рисование родословной в анали генетических данных?

14. Вычисление коэффициента родства между индивидами на осно 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 08-01-2022 (http://nsau.edu.ru/file/403: режим доступа свободный);

2. Положение «О проведении текущего контроля и промежуточной аттестации обучающихся в ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ»: СМК ПНД 77-01-2022 (http://nsau.edu.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»*