

Документ подписан простой электронной подписью  
Информация о владельце:  
ФИО: Соловьев Дмитрий Александрович  
Должность: ректор ФГБОУ ВО Вавиловский университет  
Дата подписания: 18.09.2025 13:58:18  
Уникальный программный ключ:  
528682d78e671e566ab07f01fe1ba1179076a12



**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ**  
Федеральное государственное бюджетное образовательное  
учреждение  
высшего образования  
«Саратовский государственный университет генетики,  
биотехнологии и инженерии  
имени Н. И. Вавилова»

**УТВЕРЖДАЮ**

Заведующий кафедрой

Лушников В. П./

«11» сентября 2024г.

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ**

Дисциплина	Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных
Специальность	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
Направленность (профиль)	Генетика и селекция сельскохозяйственных животных
Квалификация выпускника	Биоинженер и биоинформатик
Нормативный срок обучения	5 лет
Форма обучения	Очная
Кафедра-разработчик	Генетика, разведение, кормление животных и аквакультура
Ведущий преподаватель	Лушников В.П., профессор

Разработчики: профессор, Лушников В. П.

ассистент, Стрильчук А.А.

(подпись)

(подпись)

Саратов 2024

## Содержание

1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения ОПОП.....	3
2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания .....	6
3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы.....	12
4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций .....	17

## 1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения ОПОП

В результате изучения дисциплины «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных» обучающиеся, в соответствии с ФГОС ВО по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденного приказом Министерства науки и высшего образования РФ от 12.08.2020г. № 973, формируют следующие компетенции, указанные в таблице 1.

Таблица 1

### Формирование компетенций в процессе изучения дисциплины «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных»

Компетенция		Структурные элементы компетенции (в результате освоения дисциплины обучающийся должен знать, уметь, владеть)	Этапы формирования компетенции в процессе освоения ОПОП (семестр)	Виды занятий для формирования компетенции	Оценочные средства для оценки уровня сформированности компетенции
Код	Наименование				
1	2	3	4	5	6
ОП К- 2	Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	ОПК-2.1 Использует специализированные знания фундаментальных разделов математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)  ОПК-2.4 Использует специализированные знания фундаментальных разделов биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа
ОП	Способен проводить	ОПК-3.3	А	лекции и	лабораторная

К-3	экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	Проводит обработку результатов эксперимента с использованием математических методов		лабораторные занятия	работа, самостоятельная работа
ОП К-5	Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа	ОПК-5.1 Находит и использует профессиональной деятельности информацию, накопленную в биологических базах данных по структуре геномов, нуклеиновых кислот и белков  ОПК-5.2 Владеет основными биоинформатическими средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информации, в том числе специализированным программным обеспечением  ОПК-5.3 Анализирует большие массивы информации по биологическим объектам с использованием Big data	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа
ОП К-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности	ОПК-7.1 Понимает принципы работы современных информационных технологий  ОПК-7.2 Использует современные информационные технологии при сборе, обработке, анализе, хранении, систематизации и представлении информации	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа

		профессиональной деятельности			
ПК-2	Способен оценивать и применять результаты селекции сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	ПК-2.2 Моделирует различные варианты селекционных программ	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа
ПК-3	Способен применять методы молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	ПК-3.2 Применяет молекулярно-генетические методы при оценке селекционно-племенной работы в животноводстве	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа

Примечание:

Компетенция ОПК-2 – также формируется в ходе освоения дисциплин: «Высшая математика», «Теория вероятности и математическая статистика», «Генетика животных», «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Цифровые технологии и программирование», «Математическое и компьютерное моделирование», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных», «Физика», «Биофизика», «Неорганическая и аналитическая химия», «Органическая и физколлоидная химия», «Квантовая химия и строение молекул», «Биологическая химия», «Экология», «Анатомия сельскохозяйственных животных», «Цитология, гистология и эмбриология с.-х. животных», «Физиология и этология с.-х. животных», «Подготовка к процедуре защиты и защита выпускной квалификационной работы».

Компетенция ОПК-3 - также формируется в ходе освоения дисциплин: «Теория вероятности и математическая статистика», «Генетика животных», «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Математическое и компьютерное моделирование», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Подготовка к процедуре защиты и защита выпускной квалификационной работы».

Компетенция ОПК-5 также формируется в ходе освоения дисциплин: «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Цифровые технологии и

программирование», «Введение в искусственный интеллект», «Машинное обучение», «Глубокое обучение и нейронные сети».

Компетенция ОПК-7 также формируется в ходе освоения дисциплин: «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Информатика», «Проектирование и управление базами данных», «Алгоритмы и архитектура программных решений», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных», «Генетика животных».

Компетенция ПК-2 также формируется в ходе освоения дисциплин: «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Методы редактирования генома», «Маркер-ориентированная селекция с.-х. животных», «Генная и клеточная инженерия в животноводстве», «Молекулярно-генетическая экспертиза с.-х. животных», «Репродуктивные технологии в животноводстве», «Генетические ресурсы с.-х. животных», «Сохранение генофонда исчезающих пород с.-х. животных».

Компетенция ПК-3 также формируется в ходе освоения дисциплин: «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Генетические основы селекции с.-х. животных», «Популяционная генетика», «Методы редактирования генома», «Маркер-ориентированная селекция с.-х. животных», «Генная и клеточная инженерия в животноводстве», «Молекулярно-генетическая экспертиза с.-х. животных», «Генетические аномалии с.-х. животных».

## **2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания**

Таблица 2.

### **Перечень оценочных материалов**

№ п/п	Наименование оценочного материала	Краткая характеристика оценочного материала	Представление оценочного средства в ОМ
1	Лабораторная работа	средство, направленное на изучение практического хода тех или иных процессов, исследование явления в рамках заданной темы с применением методов, освоенных на лекциях,	Лабораторные работы

		сопоставление полученных результатов с теоретическими концепциями, осуществление интерпретации полученных результатов, оценивание применимости полученных результатов на практике	
--	--	---	--

**Таблица 3**

**Программа оценивания контролируемой дисциплины**

№ п/п	Контролируемые разделы (темы дисциплины)	Код контролируемой компетенции (или ее части)	Наименование оценочного средства
1	Работа с базами данных NCBI (RefSeq, Nucleotide, Gene, Protein).	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
2	eUtilites – доступ к базам данных NCBI	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
3	Базы данных OMIM, UniProt, KEGG, Gene Ontology	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
4	Геномный браузер UCSC	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
5	PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Базы данных PROSITE и PFAM	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
6	Построение выравниваний, реконструкция филогенетических деревьев	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
7	Филогения. База данных NCBI HomoloGene	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
8	Работа с банком пространственных структур PDB.	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
9	Средства работы с банками данных I (Entrez)	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
10	Аннотирование последовательности (поиск белок-кодирующих областей, поиск функциональных сайтов).	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа
11	Средства работы с банками данных II (SRS)	ОПК- 2, ОПК-3, ОПК-5, , ОПК-7, ПК-2, ПК-3	Лабораторная работа

Таблица 4

**Описание показателей и критериев оценивания компетенций по дисциплине «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных» на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания**

Код компетенции	Индикаторы достижений компетенций	Показатели и критерии оценивания результатов обучения			
		ниже порогового уровня (неудовлетворительно)	пороговый уровень (удовлетворительно)	продвинутый уровень (хорошо)	высокий уровень (отлично)
1	2	3	4	5	6
ОПК-2 Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	ОПК-2.1 Использует специализированные знания фундаментальных разделов математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	обучающийся демонстрирует фундаментальные разделы математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает фундаментальные разделы математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в фундаментальных разделах математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин
	ОПК-2.4 Использует специализированные знания фундаментальных разделов биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	обучающийся не знает методов поиска алгоритмов решения поставленной проблемной ситуации на основе доступных источников информации	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов поиска алгоритмов решения поставленной проблемной ситуации на основе доступных источников информации	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах поиска алгоритмов решения поставленной проблемной ситуации на основе доступных источников информации

	смежных дисциплин (модулей)		информации		
ОПК-3 Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	ОПК-3.3 Проводит обработку результатов эксперимента с использованием математических методов	обучающийся не знает применяемые в практике методы биотехнологии; основы биоинформатики; геномные технологии, применяемые в животноводстве; принципы современной биотехнологии, приемы генетической инженерии, основы молекулярного моделирования	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает применяемые в практике методы биотехнологии; основы биоинформатики; геномные технологии, применяемые в животноводстве; принципы современной биотехнологии, приемы генетической инженерии, основы молекулярного моделирования	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в применяемых в практике методы биотехнологии; основы биоинформатики; геномные технологии, применяемые в животноводстве; принципы современной биотехнологии, приемы генетической инженерии, основы молекулярного моделирования
ОПК-5 Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными	ОПК-5.1 Находит и использует в профессиональной деятельности информацию, накопленную в биологических базах данных по структуре геномов, нуклеиновых кислот и белков	обучающийся не знает способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в способах проведения экспериментальной работы с организмами и клетками

биоинформатическими средствами анализа	ОПК-5.2 Владеет основными биоинформатическими средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информацией, в том числе специализированным программным обеспечением	обучающийся не знает биоинформатические средства анализа геномной, структурной и другой биологической информации, в том числе специализированным программным обеспечением	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает биоинформатические средства анализа геномной, структурной и другой биологической информации, в том числе специализированным программным обеспечением	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в биоинформатических средствах анализа геномной, структурной и другой биологической информации, в том числе специализированным программным обеспечением
	ОПК-5.3 Анализирует большие массивы информации по биологическим объектам с использованием Big data	обучающийся не знает методов анализа больших массивов информации по биологическим объектам с использованием Big data	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов анализа больших массивов информации по биологическим объектам с использованием Big data	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах анализа больших массивов информации по биологическим объектам с использованием Big data
ОПК-7 Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для	ОПК-7.1 Понимает принципы работы современных информационных технологий	обучающийся не знает принципов работы современных информационных технологий	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает принципов работы современных информационных технологий	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в принципах работы современных информационных технологий

решения задач профессиональной деятельности	ОПК-7.2 Использует современные информационные технологии при сборе, обработке, анализе, хранении, систематизации и представлении информации в профессиональной деятельности	обучающийся не знает методов исследования макромолекул; не использует математические методы обработки результатов биологических исследований	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов исследования макромолекул; не использует математические методы обработки результатов биологических исследований	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах исследования макромолекул; использует математические методы обработки результатов биологических исследований
ПК-2 Способен оценивать и применять результаты селекции сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	ПК-2.2 Моделирует различные варианты селекционных программ	обучающийся не знает методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах исследования макромолекул и математических методов обработки результатов
ПК-3 Способен применять методы молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	ПК-3.2 Применяет молекулярно-генетические методы при оценке селекционных племенной работы в животноводстве	обучающийся не знает методов молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных

			ЖИВОТНЫХ		
--	--	--	----------	--	--

### **3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы**

#### **3.1. Лабораторная работа**

Выполнение обучающимися практических работ направлено на обобщение, систематизацию, углубление, закрепление полученных теоретических знаний по конкретным темам дисциплины.

Перечень тем практических работ:

1. Работа с базами данных NCBI (RefSeq, Nucleotide, Gene, Protein).
2. eUtilites – доступ к базам данных NCBI
3. Базы данных OMIM, UniProt, KEGG, Gene Ontology
4. Геномный браузер UCSC
5. PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Базы данных PROSITE и PFAM
6. Построение выравниваний, реконструкция филогенетических деревьев
7. Филогения. База данных NCBI HomoloGene
8. Работа с банком пространственных структур PDB.
9. Средства работы с банками данных I (Entrez)
10. Аннотирование последовательности (поиск белок-кодирующих областей, поиск функциональных сайтов).
11. Средства работы с банками данных II (SRS)

Практические работы выполняются в соответствии с методическими указаниями по выполнению практических работ по дисциплине «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных».

#### **3.2. Рубежный контроль**

##### **Вопросы рубежного контроля №1**

1. Что такое биоинформатика и какие задачи она решает в биологических исследованиях?
2. Какие основные ресурсы и базы данных используются в биоинформатике для анализа геномных данных?
3. Как биоинформатика помогает в сравнении геномов разных организмов?
4. Какие преимущества предоставляет использование открытых биоинформатических ресурсов для исследователей?

5. Как можно использовать базу данных RefSeq для поиска информации о геномах и последовательностях?
6. Чем база данных Gene отличается от базы Nucleotide?
7. Какие данные о белках можно получить в базе данных Protein NCBI?
8. Как выполнить поиск и анализ последовательностей в базе данных NCBI?
9. Что такое eUtilities и как они помогают в доступе к данным NCBI?
10. Какие функции eUtilities могут быть полезны при работе с данными NCBI?
11. Как использовать eUtils для автоматизации поиска и получения информации из базы данных NCBI?
12. В чем разница между локальными и глобальными выравниваниями последовательностей?
13. Что такое матрицы замен и как они используются в выравнивании последовательностей?
14. Каковы основные принципы гомологии при выравнивании геномных последовательностей?
15. Как работает алгоритм BLAST и в чем его основное преимущество для поиска последовательностей?
16. Что такое типы выравниваний в BLAST и как выбрать нужный для исследования?
17. Какие базы данных используются для работы с данными о генах, таких как OMIM и Gene Ontology?
18. Какую информацию можно извлечь из базы данных UniProt о белках?
19. Как база данных KEGG помогает в исследовании метаболических путей и биологических процессов?
20. Как Gene Ontology используется для аннотирования функций генов?

Дополнительные вопросы:

1. Как работает геномный браузер UCSC и какие возможности он предоставляет исследователям?
2. Как можно использовать UCSC Genome Browser для просмотра и анализа геномных данных?
3. Какие функции геномного браузера UCSC могут быть полезны при изучении генетических вариаций?
4. Что такое PSI-BLAST и как он улучшает поиск по базе данных последовательностей?
5. Как работают множественные выравнивания последовательностей и для чего они используются?

## **Вопросы рубежного контроля №2**

1. Что такое профили в выравнивании последовательностей и как они помогают в поиске сходства?
2. Какие домены белков можно исследовать с помощью PSI-BLAST?
3. Как базы данных PROSITE и PFAM используются для аннотирования белков?
4. Какова роль базы данных PROSITE в анализе функциональных сайтов белков?
5. Как базы данных PFAM и PROSITE помогают в изучении семейства белков?
6. Как выполнить множественное выравнивание с помощью PSI-BLAST?
7. Какую информацию можно получить при использовании баз данных PROSITE и PFAM для анализа последовательностей?

8. Что такое филогенетический анализ и какие методы используются для его выполнения?
9. Какие алгоритмы применяются для построения филогенетических деревьев на основе молекулярных данных?
10. В чем разница между локальными и глобальными выравниваниями при построении филогенетических деревьев?
11. Как оценивать статистическую значимость филогенетических деревьев и выравниваний?
12. Как используется база данных NCBI HomoloGene для поиска гомологов в разных организмах?
13. Как информация из HomoloGene помогает в изучении эволюции генов?
14. Что такое структурная биоинформатика и какие задачи она решает?
15. Как анализировать пространственные структуры белков с помощью биоинформатики?
16. Какие данные можно извлечь из банка пространственных структур PDB?
17. Как можно использовать PDB для визуализации и анализа трехмерных структур белков?
18. Какие инструменты для работы с данными PDB существуют в биоинформатике?
19. Что такое Entrez и как он используется для поиска биологических данных?
20. Какие функции предоставляет Entrez для работы с последовательностями и аннотациями?

Дополнительные вопросы:

1. Как использовать Entrez для поиска информации о генах, белках и других биологических данных?
2. Что такое секвенирование следующего поколения (NGS) и какие данные оно генерирует?
3. Как происходит сборка геномов с использованием данных NGS?
4. Какие алгоритмы применяются для сборки геномов на основе данных NGS?
5. Как аннотировать генетические последовательности с помощью биоинформатических инструментов?

### **3.4. Промежуточная аттестация**

В соответствии с учебным планом по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» в качестве промежуточной аттестации в А семестре предусмотрен зачет.

#### **Вопросы выносимые на зачет**

1. Что такое профили в выравнивании последовательностей и как они помогают в поиске сходства?
2. Какие домены белков можно исследовать с помощью PSI-BLAST?
3. Как базы данных PROSITE и PFAM используются для аннотирования белков?
4. Какова роль базы данных PROSITE в анализе функциональных сайтов белков?
5. Как базы данных PFAM и PROSITE помогают в изучении семейства белков?
6. Как выполнить множественное выравнивание с помощью PSI-BLAST?

7. Какую информацию можно получить при использовании баз данных PROSITE и PFAM для анализа последовательностей?
8. Что такое филогенетический анализ и какие методы используются для его выполнения?
9. Какие алгоритмы применяются для построения филогенетических деревьев на основе молекулярных данных?
10. В чем разница между локальными и глобальными выравниваниями при построении филогенетических деревьев?
11. Как оценивать статистическую значимость филогенетических деревьев и выравниваний?
12. Как используется база данных NCBI HomoloGene для поиска гомологов в разных организмах?
13. Как информация из HomoloGene помогает в изучении эволюции генов?
14. Что такое структурная биоинформатика и какие задачи она решает?
15. Как анализировать пространственные структуры белков с помощью биоинформатики?
16. Какие данные можно извлечь из банка пространственных структур PDB?
17. Как можно использовать PDB для визуализации и анализа трехмерных структур белков?
18. Какие инструменты для работы с данными PDB существуют в биоинформатике?
19. Что такое Entrez и как он используется для поиска биологических данных?
20. Какие функции предоставляет Entrez для работы с последовательностями и аннотациями?
21. Как использовать Entrez для поиска информации о генах, белках и других биологических данных?
22. Что такое секвенирование следующего поколения (NGS) и какие данные оно генерирует?
23. Как происходит сборка геномов с использованием данных NGS?
24. Какие алгоритмы применяются для сборки геномов на основе данных NGS?
25. Как аннотировать генетические последовательности с помощью биоинформатических инструментов?
26. Как искать белок-кодирующие области в геномных последовательностях?
27. Какие методы используются для поиска функциональных сайтов в белках?
28. Как с помощью SRS искать и анализировать биологические данные?
29. Какие функции предоставляет SRS для работы с биоинформатическими базами данных?
30. Как можно использовать SRS для поиска и анализа последовательностей генов и белков?
31. Как работают алгоритмы выравнивания, такие как Smith-Waterman и Needleman-Wunsch?
32. Какие критерии используются для выбора матрицы замен при выравнивании последовательностей?
33. Как BLAST использует статистику для оценки значимости результатов выравнивания?
34. Каковы преимущества и ограничения метода множества выравниваний по сравнению с парными выравниваниями?
35. Каковы основные различия между базами данных для белков и ДНК в биоинформатике?
36. Какие типы гомологии существуют, и как они влияют на выравнивание генетических данных?
37. Какую роль играет функциональная аннотация при анализе геномов и протеомов?
38. Какие подходы применяются для поиска консервативных областей в белках?

39. Как данные из базы данных RefSeq могут быть использованы для создания геномных аннотаций?
40. Как происходит поиск и анализ нуклеотидных последовательностей с использованием базы Nucleotide?
41. В чем заключается различие между геномами различных организмов, и как это влияет на методы выравнивания?
42. Как BLAST может использоваться для поиска последовательностей с неизвестной функцией?
43. В чем заключаются особенности работы с молекулярными профилями в PSI-BLAST?
44. Как анализировать сходства в структурных данных с помощью PDB и других баз данных?
45. Как работает алгоритм CLUSTALW для множественного выравнивания последовательностей?
46. В чем преимущества использования профилей и доменов для поиска функциональных аналогов в белках?
47. Как NCBI Gene и другие базы данных поддерживают исследования в области генной регуляции?
48. Что такое филогенетическое дерево и как оно может помочь в изучении эволюции организмов?
49. Как влияет выбор модели эволюции на построение филогенетических деревьев?
50. Какие методы используются для оценки точности и надёжности филогенетических деревьев?
51. Как можно использовать базу данных PFAM для поиска и анализа доменов белков?
52. Как работают алгоритмы аннотирования генов и белков, и какие они имеют ограничения?
53. Как базы данных для структурной биоинформатики (например, PDB) помогают в изучении взаимодействий белков?
54. Как связаны структуры белков с их функцией, и как структурная биоинформатика помогает их анализировать?
55. Что такое молекулярное докингование и как оно используется в биоинформатике?
56. Как осуществляется поиск и анализ метаболических путей с использованием базы KEGG?
57. Какие методы позволяют искать функции генов с использованием базы данных Gene Ontology?
58. Как можно исследовать межвидовую гомологию с помощью NCBI HomoloGene?
59. В чем заключается роль геномных браузеров в визуализации генетических данных?
60. Как организованы данные в базе данных UniProt, и как она используется для исследования белков?
61. Как можно оценить качество и точность сборки генома с помощью биоинформатических инструментов?
62. Как происходит аннотирование новых последовательностей с использованием данных из публичных баз?
63. Какие преимущества предоставляет работа с последовательностями с использованием инструмента eUtils?
64. Как можно использовать методы молекулярного моделирования для предсказания структуры белков?
65. В чем заключается важность аннотирования функциональных сайтов при исследовании биологических данных?

#### **4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций**

##### **4.1. Процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности**

Контроль результатов обучения студентов, этапов и уровня формирования компетенций по дисциплине «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных» осуществляется через проведение, текущего, рубежных, выходного контролей и контроля самостоятельной работы.

Формы текущего, промежуточного и итогового контроля и контрольные задания для текущего контроля разрабатываются кафедрой исходя из специфики дисциплины, и утверждаются на заседании кафедры.

##### **4.2. Критерии оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы**

Описание шкалы оценивания достижения компетенций по дисциплине приведено в таблице 6.

Таблица 6

Уровень освоения компетенции	Отметка по пятибалльной системе (промежуточная аттестация)*			Описание
Высокий	отлично	зачтено	зачтено (отлично)	Обучающийся обнаружил всестороннее, систематическое и глубокое знание учебного материала, умеет свободно выполнять задания, предусмотренные программой, усвоил основную литературу и знаком с дополнительной литературой, рекомендованной программой. Как правило, обучающийся проявляет творческие способности в понимании, изложении и использовании материала
Базовый	хорошо	зачтено	зачтено (хорошо)	Обучающийся обнаружил полное знание учебного материала, успешно выполняет предусмотренные в программе задания, усвоил основную литературу, рекомендованную в программе

Пороговый	удовлетворительно	зачтено	зачтено (удовлетворительно)	Обучающийся обнаружил знания основного учебного материала в объеме, необходимом для дальнейшей учебы и предстоящей работы по профессии, справляется с выполнением практических заданий, предусмотренных программой, знаком с основной литературой, рекомендованной программой, допустил погрешности в ответе на экзамене и при выполнении экзаменационных заданий, но обладает необходимыми знаниями для их устранения под руководством преподавателя
-	неудовлетворительно	не зачтено	не зачтено (неудовлетворительно)	Обучающийся обнаружил пробелы в знаниях основного учебного материала, допустил принципиальные ошибки в выполнении предусмотренных программой практических заданий, не может продолжить обучение или приступить к профессиональной деятельности по окончании образовательной организации без дополнительных занятий

\* - форма промежуточной аттестации в семестре определяется в соответствии с таблицей 2 рабочей программы дисциплины (модуля)

#### **4.2.1. Критерии оценки устного ответа при промежуточной аттестации**

При ответе на вопрос обучающийся демонстрирует:

знания: истории возникновения биоинформатики и биоинженерии, основы биоинформатики, применяемые в практике методы программирования, особенностей разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема, последних достижений и новых разработок в области биоинформатики и биоинженерии, методов анализа генетического материала сельскохозяйственных животных

умения: интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области

владения: навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.

## Критерии оценки

<b>отлично</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий;</li><li>- умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li><li>- успешное и системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li></ul>
<b>хорошо</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- знание материала, не допускает существенных неточностей;</li><li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы, умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li><li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы или сопровождающееся отдельными ошибками владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li></ul>
<b>удовлетворительно</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала;</li><li>- в целом успешное, но не системное умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li><li>- в целом успешное, но не системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li></ul>
<b>неудовлетворительно</b>	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- не знает значительной части программного материала, плохо</li></ul>

	<p>ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- не умеет интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- не владеет навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>
--	--

#### **4.2.2. Критерии оценки лабораторных работ**

При выполнении лабораторных работ обучающийся демонстрирует:

При ответе на вопрос обучающийся демонстрирует:

**знания:** истории возникновения биоинформатики и биоинженерии, основы биоинформатики, применяемые в практике методы программирования, особенностей разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема, последних достижений и новых разработок в области биоинформатики и биоинженерии, методов анализа генетического материала сельскохозяйственных животных

**умения:** интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области

**владения:** навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.

#### **Критерии оценки**

<b>отлично</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий;</li> <li>- умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- успешное и системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и</li> </ul>
----------------	--

	изучения динамики макромолекул.
<b>хорошо</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала, не допускает существенных неточностей;</li> <li>- в целом успешное, но содержащие отдельные пробелы, умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы или сопровождающееся отдельными ошибками владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>
<b>удовлетворительно</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала;</li> <li>- в целом успешное, но не системное умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- в целом успешное, но не системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>
<b>неудовлетворительно</b>	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки;</li> <li>- не умеет интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- не владеет навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>

### **Критерии оценки промежуточной аттестации (зачет)**

<b>отлично</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не</li> </ul>
----------------	--

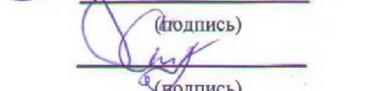
	<p>затрудняется с ответом при видоизменении заданий;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- успешное и системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>
<b>хорошо</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание материала, не допускает существенных неточностей;</li> <li>- в целом успешное, но содержащие отдельные пробелы, умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы или сопровождающееся отдельными ошибками владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>
<b>удовлетворительно</b>	<p>обучающийся демонстрирует:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала;</li> <li>- в целом успешное, но не системное умение интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- в целом успешное, но не системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.</li> </ul>
<b>неудовлетворительно</b>	<p>обучающийся:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки;</li> <li>- не умеет интерпретировать различные типы биологических данных, получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области;</li> <li>- не владеет навыками работы с биоинформационными</li> </ul>

	ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
--	--

*Разработчики: профессор, Лушников В.П.*

*ассистент, Стрельчук А.А.*

  
\_\_\_\_\_  
(подпись)

  
\_\_\_\_\_  
(подпись)