

Федеральное государственное бюджетное образовательное
учреждение
высшего образования
«Саратовский государственный университет генетики,
биотехнологии и инженерии
имени Н. И. Вавилова»

Заведующий кафедрой
Лушников В. П./
« 14 » мая 2024 г.

Дисциплина	Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных
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

ассистент, Стрильчук А.А.

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.....	8
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.....	16
4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций	31

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

В результате изучения дисциплины «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» обучающиеся, в соответствии с ФГОС ВО по специальности 06.05.01 Биотехнология 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 «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных»

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-1	Способен проводить наблюдения, описания, идентификацию и научную классификацию организмов (прокариот, грибов, растений и животных)	ОПК-1.2 Проводит наблюдение, описание, идентификацию и научную классификацию основных видов животных	8	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа
ОП К- 2	Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	ОПК-2.1 Использует специализированные знания фундаментальных разделов математики для проведения исследований в области биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей) ОПК-2.4 Использует специализированные знания фундаментальных разделов биологии для проведения исследований в области биотехнологии, биоинформатики и	8	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа, доклад

		смежных дисциплин (модулей)			
ОП К-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	8	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа, тесты
ОП К-4	Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования	ОПК4.1 Использует методы биоинженерии и биоинформатики для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами ОПК4.2 Проводит анализ результатов и методического опыта исследования по получению биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, а также определяет практическую значимость проведенного исследования	9	лекции и лабораторные занятия	лабораторная 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	9	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа, доклад

		программным обеспечением ОПК-5.3 Анализирует большие массивы информации по биологическим объектам с использованием Big data			
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 в профессиональной деятельности	9	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа, тесты
ПК-1	Способен планировать, организовывать и проводить работы в области селекции сельскохозяйственных животных с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	ПК – 1.1 Проводит работы по выведению и совершенствованию пород, типов и линий сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа, доклад
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-3.1 Выявляет молекулярно-генетические механизмы, определяющие биологические и хозяйственно-полезные качества сельскохозяйственных	А	лекции и лабораторные занятия	лабораторная работа, самостоятельная работа, тесты

		животных, с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин ПК-3.2 Применяет молекулярно-генетические методы при оценке селекционно-племенной работы в животноводстве			
--	--	--	--	--	--

Примечание:

Компетенция ОПК-1 – также формируется в ходе освоения дисциплин: «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Зоология», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Ботаника», «Микробиология», «Микология».

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», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «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».

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».

Компетенция ОПК-4 - также формируется в ходе освоения дисциплин: «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Молекулярно-генетические методы исследований в животноводстве», «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных».

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», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных», «Генетика животных».

Компетенция ПК-1 также формируется в ходе освоения дисциплин: «Генетические основы селекции с.-х. животных», «Селекционно-племенная работа в животноводстве», «Методы редактирования генома», «Генная и клеточная инженерия в животноводстве», «Генетические аномалии с.-х. животных», «Генетика и селекция рыб», «Репродуктивные технологии в животноводстве», «Маркер-ориентированная селекция с.-х. животных», «Молекулярно-генетическая экспертиза с.-х. животных», «Организация работы лаборатории молекулярно-генетической экспертизы», «Организация селекционно-племенной работы в рамках ЕЭС».

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, сопоставление полученных результатов с теоретическими концепциями, осуществление интерпретации полученных результатов, оценивание применимости полученных результатов на практике	Лабораторные работы
2	Доклад	продукт самостоятельной работы студента, представляющий собой публичное выступление по представлению полученных результатов решения определенной учебно-практической, учебно-исследовательской или научной темы	Темы докладов
3	Тестирование	метод, который позволяет выявить уровень знаний, умений и навыков, способностей и других качеств личности, а также их соответствие определенным нормам путем анализа способов выполнения обучающимися ряда специальных заданий	Банк тестовых заданий

Таблица 3

Программа оценивания контролируемой дисциплины

№ п/п	Контролируемые разделы (темы дисциплины)	Код контролируемой компетенции (или ее части)	Наименование оценочного средства
1.	Введение в биоинформатику:	ОПК-1.2, ОПК-2.1,	Лабораторная работа,

	знакомство с основными программами и базами данных.	ОПК-2.4, ОПК-3.3	Доклад
2.	Основы работы с базами данных: получение и поиск молекулярных данных для сельскохозяйственных животных.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
3.	Работа с программой BLAST: поиск сходства последовательностей и их анализ.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
4.	Оценка качества данных секвенирования с помощью FastQC	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
5.	Выравнивание последовательностей ДНК с использованием программы BWA.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
6.	Анализ и визуализация данных секвенирования с помощью Galaxy.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
7.	Секвенирование ДНК с использованием программ Cutadapt и FastQC.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
8.	Использование базы данных NCBI GenBank для поиска и скачивания геномных данных.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
9.	Изучение данных SNP в базе данных dbSNP для сельскохозяйственных животных.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
10.	Генетическое выравнивание и анализ с использованием программы ClustalW.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
11.	Построение филогенетических деревьев с использованием программы MEGA.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа, доклад
12.	Применение программы SAMtools для анализа и обработки данных выравнивания.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
13.	Использование программы GATK для варинтного анализа ДНК.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа
14.	Работа с данными микросателлитов с использованием программы Microsat.	ОПК-1.2, ОПК-2.1, ОПК-2.4, ОПК-3.3	Лабораторная работа, рубежный контроль
15.	Создание и анализ генетических карт с помощью программы MapDisto.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
16.	Применение программ для анализа микробиоты с использованием QIIME2.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
17.	Использование базы данных Ensembl для поиска генетических данных сельскохозяйственных животных.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
18.	Основы работы с биоинформатической платформой	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2,	Лабораторная работа

	Galaxy для анализа данных NGS.	ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	
19.	Использование программы Plink для ассоциативного анализа и оценки вариативности.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
20.	Поиск и анализ молекулярных маркеров с использованием базы данных MarkerDB.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
21.	Оценка инбридинга и структуры популяций с использованием программы STRUCTURE.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
22.	Сравнительный анализ геномов с помощью программы Mauve.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
23.	Применение программы VCFtools для анализа файлов VCF (Variant Call Format).	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
24.	Анализ и фильтрация данных с использованием программы vcftools.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
25.	Статистический анализ данных секвенирования с использованием программы R и Bioconductor.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
26.	Построение молекулярных моделей с использованием программы PyMOL.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа
27.	Использование программы BEDTools для работы с аннотированными геномами.	ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ОПК-5.2, ОПК-5.3, ОПК-7.1, ОПК-7.2	Лабораторная работа, рубежный контроль
28.	Применение программы TopHat для выравнивания РНК-секвенирования.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
29.	Анализ экспрессии генов с использованием программы DESeq2 в R.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
30.	Геномный анализ с использованием базы данных UniProt для изучения белков.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
31.	Работа с программой BLAT для выравнивания геномных данных и аннотации.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
32.	Использование базы данных ArrayExpress для анализа данных микрочипов.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
33.	Применение программы SIFT для предсказания функциональных последствий мутаций.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа доклад

34.	Генетический анализ с использованием программы E-utilities для работы с данными NCBI.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
35.	Использование программы FIMO для поиска мотивов в генетических последовательностях.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
36.	Биоинформатический анализ микробиомы животных с использованием программы Qiime2.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
37.	Использование базы данных KEGG для анализа пути метаболизма и сигнализации.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
38.	Визуализация данных с помощью программы CIRCOS для анализа геномных данных.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
39.	Использование программы Geneious для работы с секвенированными данными и молекулярной аннотацией.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
40.	Анализ данных с помощью программы BEAST для построения филогенетических деревьев.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
41.	Использование программы IGV для визуализации геномных данных и их анализа.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
42.	Оценка устойчивости животных к заболеваниям с использованием геномных данных и базы данных GeneCards.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
43.	Использование базы данных SNPedia для анализа SNP-данных и их связи с заболеваниями.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
44.	Работа с программой Tophat для анализа РНК-секвенирования.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
45.	Изучение генетических вариантов с использованием программы Variant Effect Predictor (VEP).	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа
46.	Использование базы данных NCBI для построения персонализированных генетических карт и анализа генов.	ПК-1.1, ПК-2.2, ПК-3.1, ПК-3.2	Лабораторная работа, рубежный контроль

Таблица 4

Описание показателей и критериев оценивания компетенций по дисциплине «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания

Код компетенции, этапы освоения компетенции	Индикаторы достижения 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-1 Способен проводить наблюдения, описания, идентификацию и научную классификацию организмов (прокариот, грибов, растений и животных)	ОПК-1.2 Проводит наблюдение, описание, идентификацию и научную классификацию основных видов животных	обучающийся не знает современные подходы, характерные для биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает современные подходы, характерные для биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой	обучающийся демонстрирует знание материала не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в современных подходы, характерные для биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой
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 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

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 биоинженерии; 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 биоинженерии; 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 методах биоинженерии; основы биоинформатики; геномные технологии, применяемые в животноводстве; принципы современной биотехнологии, приемы генетической инженерии, основы молекулярного моделирования
ОПК-4 Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленными измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования	ОПК-4.1 Использует методы биоинженерии и биоинформатики для получения биологических объектов с целенаправленными измененными свойствами	обучающийся не знает методов проведения научно-исследовательских работ в области биотехнологии, проведения корректной обработки результатов экспериментов	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов проведения научно-исследовательских работ в области биотехнологии, проведения корректной обработки результатов экспериментов	обучающийся демонстрирует знание материала не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах проведения научно-исследовательских работ в области биотехнологии, проведения корректной обработки результатов экспериментов
	ОПК-4.2 Проводит анализ результатов и методического опыта исследования по получению биологических объектов с целенаправленными измененными свойствами, а также определяет практическую значимость проведенного исследования	обучающийся не знает современных актуальные проблемы, основные открытия и методологические разработки в области биоинженерии и биоинформатики, и смежных наук для решения задач профессиональной деятельности	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает современных актуальные проблемы, основные открытия и методологические разработки в области биоинженерии и биоинформатики, и смежных наук для решения задач профессиональной деятельности	обучающийся демонстрирует знание материала не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в современных актуальные проблемы, основные открытия и методологические разработки в области биоинженерии и биоинформатики, и смежных наук для решения задач профессиональной деятельности

ОПК-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 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
	ОПК-5.2 Владеет основными биоинформатическими средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информации, 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 решения задач профессиональной	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
	ОПК-7.2 Использует современные	обучающийся не знает методов исследования макромолекул, не	обучающийся демонстрирует знания только	обучающийся демонстрирует знание материала	обучающийся демонстрирует знание материала легко и

деятельности	информационные технологии при сборе, обработке, анализе, хранении, систематизации и представлении информации в профессиональной деятельности	использует математические методы обработки результатов биологических исследований	основного материала, но не знает методов исследования макромолекул; не использует математические методы обработки результатов биологических исследований	не допускает существенных неточностей	хорошо ориентируется в методах исследования макромолекул; использует математические методы обработки результатов биологических исследований
ПК-1 Способен планировать, организовывать и проводить работы в области селекции сельскохозяйственных животных с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	ПК – 1.1 Проводит работы по выведению и совершенствованию пород, типов и линий сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	обучающийся не знает методов выведения и совершенствования пород, типов и линий сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов выведения и совершенствования пород, типов и линий сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах выведения и совершенствования пород, типов и линий сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин
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-3.1 Выявляет молекулярно-генетические механизмы, определяющие биологические и хозяйственно-полезные качества сельскохозяйственных животных, с	обучающийся не знает молекулярно-генетических механизмов, определяющих биологические и хозяйственно-полезные качества сельскохозяйственных животных, с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает молекулярно-генетических механизмов, определяющие биологические и хозяйственно-полезные качества	обучающийся демонстрирует знание материала, не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в молекулярно-генетических механизмах, определяющих биологические и хозяйственно-полезные качества сельскохозяйственных животных, с использованием методов

	использовани ем методов биоинженери и, биоинформат ики и смежных дисциплин		сельскохозяйст венных животных, с использование м методов биоинженерии, биоинформатик и и смежных дисциплин		биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин
	ПК-3.2 Применяет молекулярн о- генетически е методы при оценке селекционн о- племенной работы в животновод стве	обучающийся не знает методов молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	обучающийся демонстрирует знания только основного материала, но не знает методов молекулярной генетики в селекции сельскохозяйств енных животных	обучающийся демонстрирует знание материала не допускает существенных неточностей	обучающийся демонстрирует знание материала легко и хорошо ориентируется в методах молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных 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 лабораторных работ:

1. Введение в биоинформатику: знакомство с основными программами и базами данных.
2. Основы работы с базами данных: получение и поиск молекулярных данных для сельскохозяйственных животных.
3. Работа с программой BLAST: поиск сходства последовательностей и их анализ.
4. Оценка качества данных секвенирования с помощью FastQC
5. Выравнивание последовательностей ДНК с использованием программы BWA.
6. Анализ и визуализация данных секвенирования с помощью Galaxy.
7. Секвенирование ДНК с использованием программ Cutadapt и FastQC.
8. Использование базы данных NCBI GenBank для поиска и скачивания геномных данных.
9. Изучение данных SNP в базе данных dbSNP для сельскохозяйственных животных.

10. Генетическое выравнивание и анализ с использованием программы ClustalW.
11. Построение филогенетических деревьев с использованием программы MEGA.
12. Применение программы SAMtools для анализа и обработки данных выравнивания.
13. Использование программы GATK для варинтного анализа ДНК.
14. Работа с данными микросателлитов с использованием программы Microsat.
15. Создание и анализ генетических карт с помощью программы MapDisto.
16. Применение программ для анализа микробиоты с использованием QIIME2.
17. Использование базы данных Ensembl для поиска генетических данных сельскохозяйственных животных.
18. Основы работы с биоинформатической платформой Galaxy для анализа данных NGS.
19. Использование программы Plink для ассоциативного анализа и оценки вариативности.
20. Поиск и анализ молекулярных маркеров с использованием базы данных MarkerDB.
21. Оценка инбридинга и структуры популяций с использованием программы STRUCTURE.
22. Сравнительный анализ геномов с помощью программы Mauve.
23. Применение программы VCFtools для анализа файлов VCF (Variant Call Format).
24. Анализ и фильтрация данных с использованием программы vcftools.
25. Статистический анализ данных секвенирования с использованием программы R и Bioconductor.
26. Построение молекулярных моделей с использованием программы PyMOL.
27. Использование программы BEDTools для работы с аннотированными геномами.
28. Применение программы TopHat для выравнивания РНК-секвенирования.
29. Анализ экспрессии генов с использованием программы DESeq2 в R.
30. Геномный анализ с использованием базы данных UniProt для изучения белков.
31. Работа с программой BLAT для выравнивания геномных данных и аннотации.
32. Использование базы данных ArrayExpress для анализа данных микрочипов.
33. Применение программы SIFT для предсказания функциональных последствий мутаций.
34. Генетический анализ с использованием программы E-utilities для работы с данными NCBI.

- 35.Использование программы FIMO для поиска мотивов в генетических последовательностях.
- 36.Биоинформатический анализ микробиомы животных с использованием программы Qiime2.
- 37.Использование базы данных KEGG для анализа пути метаболизма и сигнализации.
- 38.Визуализация данных с помощью программы Circos для анализа геномных данных.
- 39.Использование программы Geneious для работы с секвенированными данными и молекулярной аннотацией.
- 40.Анализ данных с помощью программы BEAST для построения филогенетических деревьев.
- 41.Использование программы IGV для визуализации геномных данных и их анализа.
- 42.Оценка устойчивости животных к заболеваниям с использованием геномных данных и базы данных GeneCards.
- 43.Использование базы данных SNpedia для анализа SNP-данных и их связи с заболеваниями.
- 44.Работа с программой Tophat для анализа РНК-секвенирования.
- 45.Изучение генетических вариантов с использованием программы Variant Effect Predictor (VEP).
- 46.Использование базы данных NCBI для построения персонализированных генетических карт и анализа генов.

Практические работы выполняются в соответствии с методическими указаниями по выполнению лабораторных работ по дисциплине «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных».

3.2. Доклад

Выполнение доклада направлено на формирование у обучающихся навыков по анализу и краткому изложению в письменном или устном виде содержания какой-либо книги или материалов по научной проблеме. Доклад развивает умения обучающихся дать быструю систематическую подачу актуальной научно-технической информации в свернутом виде на основе ее смысловой переработки.

Таблица 2

Темы докладов, рекомендуемые к написанию при изучении дисциплины «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных»

№ п/п	Темы Докладов
1	2

№ п/п	Темы Докладов
1	2
1	Использование биоинформатики в племенном животноводстве: роль программ и баз данных в улучшении пород
2	Анализ геномных данных в племенном животноводстве: базы данных и инструменты для селекции
3	Роль биоинформатики в мониторинге здоровья животных: базы данных для оценки генетических заболеваний
4	Племенная работа с животными: как базы данных и биоинформатика помогают ускорить селекционный процесс
5	Анализ эволюционных связей между породами животных с помощью MEGA: практическое применение в племенной работе
6	Построение филогенетических деревьев для племенных популяций: использование программы MEGA для оценки родословных
7	Как программа MEGA помогает в анализе генетического разнообразия в племенных стадах в животноводстве
8	Использование филогенетических деревьев для улучшения генетической устойчивости в племенном животноводстве
9	Прогнозирование влияния мутаций на физические и биологические характеристики животных с помощью SIFT: применение в селекции
10	Применение программы SIFT в племенном животноводстве: предсказание функциональных последствий мутаций у животных
11	Оценка генетических мутаций в племенном животноводстве с использованием программы SIFT: повышение продуктивности и здоровья
12	Как SIFT помогает в выявлении мутаций, влияющих на племенную ценность животных: использование в молочном и мясном скотоводстве

3.3. Тестовые задания

По дисциплине «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» предусмотрено проведение следующих видов тестирования: письменное.

Банк тестов 5 вариантов, по 4 вопроса:

Какую роль играет биоинформатика в племенном животноводстве?

- A) Она используется для улучшения устойчивости растений к заболеваниям
- B) Она помогает выявить молекулярные маркеры, связанные с продуктивными признаками животных
- C) Она изучает поведение животных
- D) Она управляет кормлением животных

Правильный ответ: B

Какой метод биоинформатики позволяет расшифровывать последовательности ДНК?

- A) Микрочипы
- B) Секвенирование ДНК
- C) Анализ маркеров
- D) Программирование генетических карт

Правильный ответ: B

Что такое генетические маркеры?

- A) Структуры, которые всегда содержат одинаковую информацию
- B) Участки ДНК, связанные с определенными признаками
- C) Признаки, которые нельзя передать потомству
- D) Метод анализа белков

Правильный ответ: B

Какую роль играют технологии секвенирования нового поколения (NGS) в биоинформатике?

- A) Они используются для изучения фенотипических признаков
- B) Они ускоряют и удешевляют процесс получения генетической информации
- C) Они применяются исключительно для исследования вирусов
- D) Они используются для создания новых генов **Правильный ответ: В**

Какой метод используется для прогнозирования наследуемости признаков у животных?

- A) Прямой отбор
- B) Геномная селекция
- C) Экологический отбор
- D) Генетическая диагностика **Правильный ответ: В**

Какие из следующих заболеваний можно диагностировать с помощью молекулярно-генетического тестирования?

- A) Простуда
- B) Туберкулез
- C) Ожирение
- D) Грипп **Правильный ответ: В**

Что позволяет генетическое картирование в контексте селекции?

- A) Прогнозировать экологические изменения
- B) Определять расположение генов на хромосомах
- C) Оценивать здоровье животных
- D) Увеличивать скорость роста животных **Правильный ответ: В**

Как секвенирование нового поколения помогает в животноводстве?

- A) Выявляет болезни, но не улучшает породы
- B) Улучшает качество кормления
- C) Позволяет ускорить процесс улучшения пород с помощью генетического анализа
- D) Снижает стоимость кормов **Правильный ответ: С**

Что такое SNP в контексте молекулярно-генетических исследований?

- A) Генетические маркеры, связанные с болезнями
- B) Однонуклеотидные полиморфизмы, связанные с признаками
- C) Участки ДНК, не связанные с наследственными признаками
- D) Редкие заболевания животных **Правильный ответ: В**

Какое преимущество секвенирования нового поколения (NGS) по сравнению с традиционными методами?

- A) Меньшая точность
- B) Более высокая стоимость
- C) Уменьшение времени анализа и стоимости
- D) Не требуется специального оборудования **Правильный ответ: С**

Что изучает молекулярная генетика?

- A) Генетическую информацию, которая передается через пищу
- B) Генетическую информацию и её влияние на признаки организма
- C) Только наследственные заболевания
- D) Экологические факторы, влияющие на генетическое разнообразие **Правильный ответ: В**

Как SNP могут быть использованы в селекции?

- A) Для создания новых видов животных
- B) Для повышения устойчивости животных к стрессам
- C) Для выявления животных с продуктивными признаками
- D) Для прогнозирования питания животных **Правильный ответ: C**

В чем заключается основное применение геномной селекции?

- A) В улучшении качества молока
- B) В ускорении процесса улучшения животных с благоприятными признаками
- C) В создании новых кормов
- D) В выявлении устойчивости к вирусам **Правильный ответ: B**

Как генетическое разнообразие влияет на популяцию животных?

- A) Снижает шанс на выживание
- B) Повышает устойчивость к заболеваниям
- C) Уменьшает скорость роста
- D) Приводит к инбридингу **Правильный ответ: B**

Что такое инбридинг и к чему он может привести?

- A) Скрещивание различных видов
- B) Уменьшение генетического разнообразия, что может привести к заболеваниям
- C) Улучшение продуктивных признаков
- D) Ускорение роста животных **Правильный ответ: B**

Как генетическое тестирование помогает в борьбе с заболеваниями животных?

- A) Выявляет вирусы в корме
- B) Прогнозирует устойчивость к инфекционным заболеваниям
- C) Улучшает методы лечения
- D) Создает вакцины **Правильный ответ: B**

Какой метод используется для анализа генетического материала в крупных популяциях животных?

- A) Генетическое картирование
- B) Микрочипы
- C) Метод PCR
- D) Молекулярно-генетическое тестирование **Правильный ответ: B**

В чем преимущество использования биоинформатики в сельском хозяйстве?

- A) Она позволяет создавать новые породы животных
- B) Помогает анализировать и улучшать генетическое разнообразие
- C) Повышает урожайность растений
- D) Улучшает качество воды в фермерских хозяйствах **Правильный ответ: B**

Какое из утверждений о генетических маркерах верно?

- A) Они могут быть использованы для улучшения только внешних признаков
- B) Они связаны с определенными признаками и могут ускорить процесс

селекции

С) Генетические маркеры не могут быть использованы в животноводстве

Д) Они помогают создавать новые виды животных **Правильный ответ: В**

Какую роль играет секвенирование ДНК в улучшении продуктивности животных?

А) Позволяет создавать новые породы с устойчивостью к заболеваниям

В) Улучшает производство кормов

С) Снижает себестоимость молока

Д) Ускоряет улучшение пород, выявляя генетические маркеры продуктивных признаков **Правильный ответ: D**

3.4. 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?

Вопросы рубежного контроля №3

1. Какие методы используются для оценки точности и надёжности филогенетических деревьев?
2. Как можно использовать базу данных PFAM для поиска и анализа доменов белков?
3. Как работают алгоритмы аннотирования генов и белков, и какие они имеют ограничения?
4. Как базы данных для структурной биоинформатики (например, PDB) помогают в изучении взаимодействий белков?
5. Как связаны структуры белков с их функцией, и как структурная биоинформатика помогает их анализировать?
6. Что такое молекулярное докингование и как оно используется в биоинформатике?
7. Как осуществляется поиск и анализ метаболических путей с использованием базы KEGG?

8. Какие методы позволяют искать функции генов с использованием базы данных Gene Ontology?
9. Как можно исследовать межвидовую гомологию с помощью NCBI HomoloGene?
10. В чем заключается роль геномных браузеров в визуализации генетических данных?
11. Как организованы данные в базе данных UniProt, и как она используется для исследования белков?
12. Как можно оценить качество и точность сборки генома с помощью биоинформатических инструментов?
13. Как происходит аннотирование новых последовательностей с использованием данных из публичных баз?

Дополнительные вопросы:

1. Какие преимущества предоставляет работа с последовательностями с использованием инструмента eUtils?
2. Как можно использовать методы молекулярного моделирования для предсказания структуры белков?
3. В чем заключается важность аннотирования функциональных сайтов при исследовании биологических данных?

3.5. Промежуточная аттестация

В соответствии с учебным планом по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» в качестве промежуточной аттестации в 8, 9 семестрах предусмотрен зачет, в А семестре экзамен.

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?

Вопросы, выносимые на экзамен

1. Что такое биоинформатика и как она применяется в сельском хозяйстве?
2. Как молекулярно-генетический анализ помогает в улучшении характеристик сельскохозяйственных животных?
3. Что такое генетические маркеры и как их используют в селекции?
4. Как секвенирование ДНК помогает в изучении геномов животных?
5. Что такое секвенирование нового поколения (NGS) и как оно влияет на биоинформатику?
6. В чем состоит основное отличие геномной селекции от традиционных методов селекции?
7. Как генетическое картирование помогает улучшать продуктивные признаки животных?
8. Что такое SNP и как они применяются для анализа генетического разнообразия?
9. Как молекулярно-генетическое тестирование помогает в диагностике заболеваний животных?
10. Какие преимущества дает использование биоинформатики в племенном животноводстве?

11. Как генетическое разнообразие влияет на устойчивость животных к заболеваниям?
12. Что такое инбридинг и какие его последствия для популяции животных?
13. Как молекулярные маркеры могут помочь в борьбе с заболеваниями животных?
14. В чем заключается роль молекулярно-генетического анализа в улучшении молочной продуктивности?
15. Какие методы геномной селекции используются для улучшения мясной продуктивности?
16. Как биоинформатические инструменты помогают анализировать генетические данные животных?
17. Как технологии секвенирования нового поколения влияют на снижение стоимости генетических исследований?
18. В чем заключается важность прогнозирования наследуемости признаков при геномной селекции?
19. Как генетические тесты помогают отбирать животных для разведения с лучшими качествами?
20. Как генетическое тестирование помогает в поддержании здоровья стада?
21. Что такое эпигенетика и как она может повлиять на устойчивость животных к заболеваниям?
22. Как используются молекулярные маркеры для определения устойчивости животных к инфекциям?
23. Какие преимущества дает интеграция генетических данных с другими типами данных в животноводстве?
24. Как генетическое картирование помогает в создании новых пород животных с улучшенными характеристиками?
25. Как генетическая диагностика помогает предотвратить распространение заболеваний в популяции животных?
26. Какие молекулярно-генетические методы используются для диагностики наследственных заболеваний у животных?
27. Как использование генетических данных помогает улучшить продуктивность сельскохозяйственных культур?
28. Какие инструменты биоинформатики наиболее часто используются для анализа геномов животных?
29. В чем заключается роль молекулярной генетики в создании устойчивых к изменениям климата пород?
30. Как геномная селекция может ускорить процесс улучшения пород животных?
31. Как использование генетических маркеров помогает избежать инбридинга в популяциях животных?
32. В чем заключается принцип работы технологии CRISPR-Cas9 в редактировании генома животных?

33. Как молекулярно-генетические тесты помогают в повышении качества шерсти у сельскохозяйственных животных?
34. Как интеграция биоинформатики с экологическими данными помогает улучшать устойчивость животных к внешним воздействиям?
35. В чем заключается роль молекулярного скрининга в улучшении качественных характеристик мясных продуктов?
36. Как секвенирование ДНК помогает улучшать молочную продуктивность у коров?
37. Что такое генетический мониторинг здоровья популяций и как его применяют в животноводстве?
38. Как биоинформатические методы позволяют отслеживать изменения в генетическом разнообразии популяции?
39. В чем состоит роль метагеномики в исследовании микробиоты животных?
40. Как использование молекулярных маркеров в селекции помогает создать породы с улучшенной устойчивостью к заболеваниям?

Образец экзаменационного билета

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии имени
Н.И.Вавилова»
Кафедра «Генетика, разведения, кормления животных и аквакультуры»

ЭКЗАМЕНАЦИОННЫЙ БИЛЕТ №1

1. Что такое биоинформатика и как она применяется в сельском хозяйстве?
2. Как генетическое тестирование помогает в поддержании здоровья стада?
3. Как геномная селекция может ускорить процесс улучшения пород животных?

Зав. кафедрой

«Генетика, разведения, кормления животных и аквакультуры»

Дата

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 «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» 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	удовлетво-	зачтено	зачтено	Обучающийся обнаружил знания

	нительно		(удовлетво- нительно)	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
-	неудовлетво- нительно	не зачтено	не зачтено (неудовлетво- нительно)	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: современных подходов, характерных для биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой

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

отлично	обучающийся демонстрирует: - знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий; - 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; - успешное и системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
хорошо	обучающийся демонстрирует: - знание материала, не допускает существенных неточностей; - 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; - 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.
удовлетворительно	обучающийся демонстрирует: - знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала; - 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; - в целом успешное, но не системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
неудовлетворительно	обучающийся: - не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки; - 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; - не владеет навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
--	---

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

отлично	обучающийся демонстрирует: - знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий; - 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; - успешное и системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
хорошо	обучающийся демонстрирует: - знание материала, не допускает существенных неточностей;

	- 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; - 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.
удовлетворительно	обучающийся демонстрирует: - знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала; - 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; - в целом успешное, но не системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
неудовлетворительно	обучающийся: - не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки; - 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; - не владеет навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.

4.2.3. Критерии оценки доклада

При подготовке устного доклада 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

отлично	обучающийся демонстрирует: - знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий; - 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; - успешное и системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
хорошо	обучающийся демонстрирует: - знание материала, не допускает существенных неточностей; - 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; - 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.
удовлетворительно	обучающийся демонстрирует: - знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала; - 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; - в целом успешное, но не системное владение навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.
неудовлетворительно	обучающийся: - не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки; - 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; - не владеет навыками работы с биоинформационными ресурсами, методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул.

4.2.5. Критерии оценки выполнения тестовых заданий

При выполнении тестовых заданий обучающийся демонстрирует:

знания: современных подходов, характерных для биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой 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

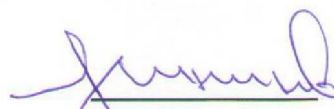
Критерии оценки

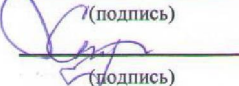
отлично	обучающийся демонстрирует: - знание материала, практики применения материала, исчерпывающе и последовательно, четко и логично излагает материал, хорошо ориентируется в материале, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий;
хорошо	обучающийся демонстрирует: - знание материала, не допускает существенных неточностей;
удовлетворительно	обучающийся демонстрирует: - знания только основного материала, но не знает деталей, допускает неточности, допускает неточности в формулировках, нарушает логическую последовательность в

	изложении программного материала;
	обучающийся: - не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в материале, не знает практику применения материала, допускает существенные ошибки;

Разработчики: профессор, Лушников В.П.

ассистент, Стрильчук А.А.


(подпись)


(подпись)