

ФГБОУ ВО Университет биотехнологий

Кафедра прикладной биоинформатики

Рег. № МПЧ 26-12
«20» января 2026 г.

УТВЕРЖДЕН

на заседании кафедры

Протокол от «14» января 2026г. № 5

Заведующий кафедрой



(подпись)

Е.В. Камалдинов

**ФОНД
ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ**

Б1.О.12 Биоинформатика

09.04.03 Прикладная информатика

профиль - Прикладная биоинформатика

Новосибирск 2026

**Паспорт
фонда оценочных средств**

№ п/п	Контролируемые разделы (темы) дисциплины	Код контролируемой компетенции (или ее части)	Наименование оценочного средства
1	<i>Общие вопросы биоинформатики и информационной биологии</i>		
1.1	<i>Уровни организации биологических объектов</i>	ОПК-4 ОПК-6 ПК-4	Опрос
1.2	<i>Интеграция гетерогенных данных в биоинформатике</i>		
2	<i>Анализ и обработка данных молекулярно-генетических исследований</i>		
2.1	<i>Анализ генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам.</i>	ОПК-4 ОПК-6 ПК-4	Опрос
2.2	<i>Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов</i>		
2.3	<i>Транскриптомика</i>		
2.4	<i>Протеомика</i>		
2.5	<i>Алгоритмы молекулярной эволюции. Построение филогенетического дерева.</i>		
2.6	Популяционно-генетический анализ		
	Контрольная работа	ОПК-4 ОПК-6 ПК-4	Задание к контрольной работе
	Экзамен	ОПК-4 ОПК-6 ПК-4	Вопросы к экзамену

ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ

Вопросы для опроса

Раздел 1. Общие вопросы биоинформатики и информационной биологии

1. Какие уровни организации биологических объектов можно выделить и что характерно для каждого уровня?
2. Какова роль генетических макромолекул (ДНК, РНК, белки) в организации клетки и передаче генетической информации?
3. В чем отличия организации геномов прокариот и эукариот?
4. Что представляет собой системная биология и какие методы она использует для исследования биологических систем?
5. Что такое метаболические сети и как они участвуют в обмене веществ в клетке?
6. Что такое экспрессия генов и какие механизмы регулируют этот процесс?
7. Какие процессы и механизмы лежат в основе передачи генетической информации от ДНК?
8. В чем заключается компьютерное представление биологических объектов и какие методы используются для обработки и анализа биологических данных?
9. Какие методы классификации живых объектов существуют и чем они отличаются друг от друга?
10. Каким образом связаны геномы организмов с их эволюционными отношениями и специфическими чертами?
11. В чем заключается онтологическое моделирование данных в биоинформатике?
12. Какие языки программирования наиболее часто используются в биоинформатике?
13. Какие программно-инструментальные средства широко применяются для работы с биоинформацией?
14. Какие методы интеграции приложений используются в биоинформатике для объединения гетерогенных данных?
15. Какую роль играют базы данных белков и генов в биоинформатике?
16. Какие проблемы возникают при интеграции данных из различных источников в биоинформатике?
17. Какие подходы используются для сопоставления данных из разных баз данных белков и генов?
18. Какие алгоритмы используются для поиска и анализа биологических данных в биоинформатике?
19. Какие методы обработки данных применяются для интеграции геномных и протеомных данных?
20. Что такое биологическая сеть в биоинформатике и какие существуют методы ее анализа?

21. Какие стандарты существуют для обмена биологическими данными в биоинформатике?
22. Какие методы машинного обучения применяются для анализа биологических данных в биоинформатике?
23. Какую роль играют алгоритмы сравнения последовательностей в биоинформатике и какие методы их улучшения существуют?

Раздел 2. Анализ и обработка данных молекулярно-генетических исследований

1. Каковы основные шаги и процессы анализа дифференциальной экспрессии генов на основе полученных данных?
2. Что представляют собой белковые семейства, домены и мотивы, и как они классифицируются в рамках протеомики?
3. Какие алгоритмы применяются для анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций в рамках протеомики?
4. Какие принципы лежат в основе структурной биоинформатики и как она помогает в понимании структуры и функции белков?
5. Какие вычислительные методы помогают в прогнозировании взаимодействий между белками и предсказании структур белковых комплексов?
6. Каким образом исследования пространственной структуры белков могут привести к разработке новых методов терапии и фармацевтических препаратов?
7. Какие проблемы могут возникнуть при предсказании функций белков на основе их структурных данных, и как их можно решить?
8. Какие биоинформационные инструменты используются для анализа пространственных данных белков?
9. Что такое алгоритмы молекулярной эволюции, и как они используются для анализа филогенетических отношений между организмами?
10. Какие методы построения филогенетических деревьев существуют, и как выбрать наиболее подходящий метод в конкретной задаче?
11. Какие основные принципы работы с высокопроизводительными вычислениями в биоинформатике, и какие преимущества они могут принести при анализе геномных данных?
12. Какое программное обеспечение используется для высокопроизводительных вычислений в биоинформатике, и какие функциональные возможности имеют эти программы?
13. Каким образом происходят параллельные вычисления, и какие преимущества это дает при вычислениях в биоинформатике?
14. Как проводится филогенетический анализ с использованием языка программирования R, и какие библиотеки, такие как phylogram и ape, могут быть использованы для этой цели?

15. Какие факторы могут повлиять на встречаемость аллелей и генотипов в популяциях?
16. Чем отличается миграция от инбридинга?
17. Какие процедуры можно использовать для обработки семейных данных с помощью объекта pedigree?
18. Что представляют собой корреляционные структуры, описывающие семейные отношения?
19. Что такое родство и идентичность по происхождению?
20. Как можно использовать рисование родословной в анализе генетических данных?
21. Каким образом можно определить уровень инбридинга в популяции?
22. Какие методы могут быть использованы для оценки генетического разнообразия в популяции?
23. Как можно использовать результаты популяционно-генетического анализа для улучшения селекции и сохранения генетического разнообразия?
24. Процедуры для обработки семейных данных с помощью библиотеки pedigree.
25. Чем отличаются и для чего используются библиотеки kenship, plink, genlib, pedigree в рамках работы с данными родословных?
26. В чем состоит значение использования библиотек genlib и pedigree для работы с генетическими данными родословных?
27. Какие аспекты родства и генотипов в популяциях наиболее важны для исследования генетического разнообразия?
28. Каким образом можно провести анализ родства и идентичности по происхождению с использованием библиотеки kenship?
29. Genomestudio - программа для визуализации и анализа данных генетического секвенирования
30. Какие инструменты можно использовать для визуализации результатов филогенетического анализа в R?

Критерии оценки:

- оценка «зачтено» выставляется студенту, который твердо усвоил программный материал, грамотно и по существу, без существенных неточностей отвечает на вопросы, владеет навыками и приемами выполнения практических заданий;
- оценка «не зачтено» выставляется студенту, который не знает значительной части программного материала, допускает принципиальные ошибки, неуверенно, с большими затруднениями выполняет практические задания.

Задания к контрольной работе

Контрольная работа

Реферат по дисциплине «Биоинформатика» является результатом индивидуальной работы студентов и отражает способности исполнителей к самостоятельной работе с литературой и навыки анализа конкретной проблемы.

1. При выполнении реферата должно быть использовано не менее 20 источников литературы.

2. Реферат должен быть хорошо отформатирован в следующем формате: шрифт 14, Times New Roman.

3. Реферат должен содержать сведения из оригинальных источников, а не составлен из ссылок и рефератов, позаимствованных из Интернета.

4. Объем реферата должен быть не менее 15 страниц и не более 25

5. Все части реферата, составленные по литературным источникам, должны быть логически связаны и объединены единой темой.

6. Реферат должен быть хорошо структурирован, разбит на тематические разделы.

7. Презентация для защиты реферата должны содержать не менее 15 слайдов.

Темы рефератов:

1. Высокоспециализированные базы данных.
2. Проблемы баз данных: избыточность, наличие ошибок, проблемы, связанные с открытостью.
3. Genomestudio - программа для визуализации и анализа данных генетического секвенирования
4. Вычисление коэффициента родства между индивидами на основе генетических данных посредством пакета «kenship» (язык R)
5. Инструмент для работы с генетическими данными и проведения анализа ассоциаций в исследованиях на геномном уровне – пакет «plink» (язык R).
6. Библиотека общего назначения для генетического программирования (GP) - Пакет «genlib»
7. Программное обеспечение или библиотека, предназначенная для работы с генеалогическими данными и построения генеалогических деревьев (пакет pedigree)
8. Своя тема

Критерии оценки:

Критериями оценивания контрольной работы являются: актуальность выбранной темы, глубина освоения материала, качество и всесторонность подбора и использования источников литературы, степень самостоятельности,

обоснованности и аргументированности выводов, предложений, общая культура изложения, уровень доклада и ответов на вопросы. При неудовлетворительной защите курсовой работы (то есть работа не соответствует предъявляемым требованиям, содержанию и при ответах на вопросы студента были обнаружены серьезные пробелы в профессиональных знаниях), ему назначается повторная защита.

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

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

ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ

Вопросы к экзамену

(компетенции: ОПК-4, ОПК-6, ПК-4)

1. Белки. ДНК. РНК. Строение. Функции.
2. Методы секвенирования белков и нуклеиновых кислот.
3. Форматы хранения данных о структуре биополимеров и химических молекул.
4. Базы данных биологической и биотехнологической информации. Виды предоставляемой информации, инструменты для работы.
5. Множественное выравнивание первичных последовательностей. Оценка схожести/различия между парой последовательностей. Филогенетический анализ
6. Молекулярная динамика. Принципы метода, ограничения. Инструменты/сервисы для работы.
7. Как работают алгоритмы BLAST, BLAT и SSAHA? В чем их основные отличия?

8. Какова роль генных сетей и ассоциативных сетей в анализе сложных биологических систем?
9. Что такое транскриптомика и какие основные задачи решает это направление биологии?
10. Что такое алгоритмы молекулярной эволюции, и как они используются для анализа филогенетических отношений между организмами?
11. Каким образом происходят параллельные вычисления с помощью библиотек MPI и OpenMP, и какие преимущества это дает при вычислениях в биоинформатике?
12. Как проводится филогенетический анализ с использованием языка программирования R, и какие библиотеки, такие как phylogram и ape, могут быть использованы для этой цели?
13. Какие процедуры можно использовать для обработки семейных данных с помощью объекта pedigree?
14. Что такое родство и идентичность по происхождению?
15. Как можно использовать рисование родословной в анализе генетических данных?
16. Каким образом можно определить уровень инбридинга в популяции?
17. Что такое родство и идентичность по происхождению?
18. Процедуры для обработки семейных данных с помощью библиотеки pedigree.
19. Чем отличаются и для чего используются библиотеки kenship, plink, genlib, pedigree в рамках работы с данными родословных?
20. В чем состоит значение использования библиотек genlib и pedigree для работы с генетическими данными родословных?
21. Какие аспекты родства и генотипов в популяциях наиболее важны для исследования генетического разнообразия?
22. Каким образом можно провести анализ родства и идентичности по происхождению с использованием библиотеки kenship?
23. Genomestudio - программа для визуализации и анализа данных генетического секвенирования
24. Какие инструменты можно использовать для визуализации результатов филогенетического анализа в R?

Порядок аттестации студентов по дисциплине

Для аттестации студентов по дисциплине используется традиционная система контроля и оценки успеваемости обучающихся.

Промежуточный контроль проводится с целью установления уровня освоения материала по самостоятельным разделам в виде контрольных работ и выполнения заданий на семинарских занятиях.

Итоговый контроль — оценка уровня освоения дисциплины по окончании её изучения в форме экзамена в устной форме.

Описание шкалы оценивания:

Критерии оценивания устного ответа на экзаменационные вопросы:

«5» (отлично) — дан полный, развёрнутый ответ на поставленный вопрос, показана совокупность осознанных знаний об объекте, доказательно раскрыты основные положения темы; в ответе прослеживается чёткая структура, логическая последовательность, отражающая сущность раскрываемых понятий, теорий, явлений. Знание об объекте демонстрируется на фоне понимания его в системе данной науки, и междисциплинарных связей. Ответ изложен литературным языком в терминах науки, показана способность быстро реагировать на уточняющие вопросы;

«4» (хорошо) — дан полный, развёрнутый ответ на поставленный вопрос, показано умение выделить существенные и несущественные признаки, причинно-следственные связи. Ответ чётко структурирован, логичен, изложен в терминах науки, Однако допущены незначительные ошибки ли недочёты, исправленные студентом с помощью «наводящих» вопросов;

«3» (удовлетворительно) — дан неполный ответ, логика и последовательность изложения имеют существенные нарушения. Допущены грубые ошибки при определении сущности раскрываемых понятий, теорий явлений, в следствии непонимания студентом их существенных и несущественных признаков и связей. В ответе отсутствуют выводы. Умение раскрыть конкретные проявления обобщённых знаний не показано. Речевое оформление требует правок, коррекций.

«2» (неудовлетворительно) — студент демонстрирует незнание теоретических основ предмета, не умеет выделять аргументированные выводы и приводить примеры, показывает слабое владение монологической речью, не владеет терминологией, проявляет отсутствие логичности и последовательности изложения, делает ошибки, которые не может исправить даже при коррекции преподавателем, отказывается отвечать на занятия.

ЗАДАНИЯ НА УРОВЕНЬ СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ**Компетенция ОПК-4****Задания закрытого типа**

1. Биоинформатика - это

а набор статистических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов

б набор физических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов

в набор компьютерных методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов (правильный ответ)

г набор химических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов

д набор биологических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов

2. Какой инструмент используется для визуализации данных секвенирования?
 - а. BLAST
 - б. GenomeStudio (правильный ответ)
 - в. Excel
 - г. T-Coffee
3. Какой метод используют для выравнивания последовательностей?
 - а. Pedigree
 - б. GeneScan
 - в. BLAST (правильный ответ)
 - г. FASTQ
4. Как называется база данных белков?
 - а. PubMed
 - б. UniProt (правильный ответ)
 - в. BioGrid
 - г. Clustal
5. Что такое ассоциативная генетическая сеть?
 - а. Статистический метод
 - б. Сеть взаимосвязанных генов (правильный ответ)
 - в. Модель кормления
 - г. Карта генома
6. Что обозначает аббревиатура SNP?
 - а. Пространственная нейронная программа
 - б. Специфический набор признаков
 - в. Однонуклеотидный полиморфизм (правильный ответ)
 - г. Скорость накопления продукции
7. Для чего используется text-mining?
 - а. Выравнивание последовательностей
 - б. Анализ публикаций и извлечение связей между генами (правильный ответ)
 - в. Подсчет числа генов
 - г. Расчет массы тела
8. Какая библиотека используется для анализа родства в R?
 - а. Genome

- б. Pedigree (правильный ответ)
- в. ggplot2
- г. blastn

Задания открытого типа

1. Назовите пример гипотезы, применимой к анализу экспрессии генов у крупного рогатого скота.
2. Какие данные необходимы для построения генной сети?
3. Что такое структурная аннотация генома?
4. Что такое ассоциативная генетическая сеть?
5. Что включает модель популяционной генетики?
6. Что такое онтология в биоинформатике?
7. Назовите одну причину недостоверных результатов биоинформатического анализа.
8. Назовите технологию, позволяющую ускорить биоинформатические расчеты.
9. Приведите пример структурного мотива в белке.
10. Для чего используется библиотека pedigree?

Компетенция ОПК-6

Задания закрытого типа

1. Что оценивает эффективность алгоритма в биоинформатике?
 - а. Уровень образования специалиста
 - б. Вид животных
 - в. Скорость и точность обработки данных (правильный ответ)
 - г. Цвет визуализации
2. Что может ограничивать применение алгоритма?
 - а. Пол животного
 - б. Вычислительные ресурсы и структура данных (правильный ответ)
 - в. Условия кормления
 - г. Время года
3. Что изучает text-mining в биоинформатике?
 - а. Генотипы животных
 - б. Формулы кормов
 - в. Научные публикации и текстовые данные (правильный ответ)
 - г. Родословные
4. Какой формат чаще всего используется для хранения последовательностей?
 - а. .docx
 - б. .csv

- в. .fasta(правильный ответ)
- г. .pdf
- 5. Для чего применяют параллельные вычисления в биоинформатике?
 - а. Увеличения размера выборки
 - б. Ускорения анализа больших массивов данных (правильный ответ)
 - в. Упрощения кода
 - г. Повышения точности измерений
- 6. Что такое GRID-системы?
 - а. Программы для статистики
 - б. Технологии хранения образцов
 - в. Инфраструктуры высокопроизводительных вычислений (правильный ответ)
 - г. Гибридные геномы
- 7. Какой алгоритм используется для выравнивания последовательностей?
 - а. Pedigree
 - б. Ape
 - в. BLAST(правильный ответ)
 - г. UniProt

Задания открытого типа

1. Назовите два метода выравнивания генетических последовательностей.
2. В чем заключается основное преимущество GRID-технологий при анализе биоданных?
3. Какие методы анализа генетических сетей применяются в животноводстве?
4. Назовите один критерий оценки эффективности алгоритма биоинформатического анализа.
5. Что может ограничивать использование алгоритма в биоинформатике?
6. Какая роль параллельных вычислений в анализе геномных данных?
7. Что означает термин «ограничение метода»?
8. Какой подход позволяет оценить адекватность биоинформатического метода?
9. Какие данные применяются для анализа популяций в биоинформатике?

Компетенция ПК-4

Задания закрытого типа

1. Что включает процесс адаптации ПО?
 - а. Изменение климата

- б. Настройка и конфигурация под конкретные условия предприятия**
(правильный ответ)
- в. Переименование файлов
г. Изменение пола животных
2. Что означает поддержка ПО?
а. Проведение эксперимента
б. Обеспечение работоспособности и устранение ошибок (правильный ответ)
в. Создание базы данных
г. Питание оборудования
3. Как называется библиотека R для визуализации родословной?
а. ape
б. blastn
в. Pedigree(правильный ответ)
г. genome
4. Какой элемент документации описывает этапы установки ПО?
а. Чек-лист
б. Инструкция пользователя (правильный ответ)
в. Описание API
г. Результаты эксперимента
5. Какой термин обозначает информацию о родстве?
а. Гистограмма
б. Родословная(правильный ответ)
в. Биоинформатика
г. Секвенция
6. Где применяют библиотеки genlib и kenship?
а. В ветеринарии
б. В кормлении
в. В популяционно-генетическом анализе (правильный ответ)
г. В экономике
7. Что делает технический специалист при внедрении ПО?
а. Покупает лицензии
б. Составляет родословную
в. Настраивает и тестирует программное обеспечение (правильный ответ)
г. Запускает геномную селекцию
8. Что требуется для запуска параллельных вычислений?
а. Командная строка
б. Кластер или GRID-платформа (правильный ответ)
в. Сканер
г. Питание
9. Что делает ИИ в биоинформатике?
а. Удаляет файлы

- б. Классифицирует, предсказывает, выделяет закономерности**
(правильный ответ)
в. Сохраняет родословные
г. Измеряет температуру

Задания открытого типа

1. Назовите пример программного продукта, используемого в биоинформатике для анализа популяционных данных.
2. Что нужно учитывать при адаптации ПО под животноводческое предприятие?
3. Каковы основные этапы внедрения биоинформационной ИС на предприятии?
4. Назовите библиотеку R, которая используется для работы с родословными.
5. В чем заключается задача технической поддержки биоинформационного ПО?
6. Назовите формат данных, применяемый для хранения SNP-информации.
7. Какой элемент документации наиболее важен для конечного пользователя?
8. Назовите один способ визуализации результатов биоинформационного анализа.
9. Назовите метод ИИ, применимый к анализу экспрессии генов.
10. Назовите формат хранения родословных, поддерживаемый genlib.

МАТРИЦА СООТВЕТСТВИЯ КРИТЕРИЕВ ОЦЕНКИ УРОВНЮ СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ

Критерии оценки	Уровень сформированности компетенций
Оценка по пятибалльной системе	
«Отлично»	«Высокий уровень»
«Хорошо»	«Повышенный уровень»
«Удовлетворительно»	«Пороговый уровень»
«Неудовлетворительно»	«Не достаточный»
Оценка по системе «зачет — незачет»	
«Зачтено»	«Достаточный»
«Не зачтено»	«Не достаточный»

Методические материалы, определяющие процедуру оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций

1. Положение «О балльно-рейтинговой системе аттестации студентов» (<http://edubiotech.ru/file/403>: режим доступа свободный);
2. Положение «О проведении текущего контроля и промежуточной аттестации обучающихся» ([http:// edubiotech.ru/file/104821](http://edubiotech.ru/file/104821): режим доступа свободный).