

**Оценочные средства для проведения аттестации
по дисциплине «Биоинформатика»
для обучающихся 2023 года поступления
по образовательной программе
30.05.01 Медицинская биохимия,
направленность (профиль) Медицинская биохимия
(специалитет),
форма обучения очная
на 2026-2027 учебный год**

1. Оценочные средства для проведения текущего контроля на занятиях (ТК), оценки самостоятельной работы обучающихся (СР), проведения промежуточной аттестации (ПА), позволяющие проверить сформированность у обучающихся предусмотренных программой дисциплины знаний (з) / умений (у) / навыков (н) (ЗУН):

ОПК-5.1.1. Знает биохимические и физиологические процессы, происходящие в клетке человека; методы, используемые для оценки биохимического и физиологического состояния клетки.

Результаты освоения ОП (компетенции)	Индикаторы достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине
ОПК-5. Способен к организации и осуществлению прикладных и практических проектов и иных мероприятий по изучению биохимических и физиологических процессов и явлений, происходящих в клетке человека.	ОПК-5.1.1. Знает биохимические и физиологические процессы, происходящие в клетке человека; методы, используемые для оценки биохимического и физиологического состояния клетки.	з-1. Знает способы записи данных о структуре макромолекул

№	Раздел(ы), подразделы(ы) дисциплины (модули, модульные единицы), формирующий(е) данный ЗУН	Тип задания	Содержание задания	Правильный ответ	Для какого вида контроля предназначен		
					ТК	СР	ПА
1.	Модуль 1. Биоинформатика	1. Выбор нескольких	Выберите три верных ответа из шести.	1. Запись аминокислотной	да	да	нет

	последовательностей. Работа с базой данных по белкам UniProtKB. Парное и множественное выравнивание аминокислотных последовательностей в программах Clustal и системе BLAST. Методология обработки данных по аминокислотным последовательностям. Модуль 2. Структурная биоинформатика. Поиск 3D-структур белков. Выделение специфических сайтов связывания в программе Chem3D. Сравнение ключевых аминокислот в сайтах связывания белков человека и отобранных животных.	правильных ответов	Какие способы записи и представления данных о структуре макромолекул используются в биоинформатике? 1. Запись аминокислотной последовательности в виде строки однобуквенных кодов (например, MKTVRQERLKS). 2. Представление пространственной структуры белка в формате PDB-файла с координатами атомов. 3. Описание последовательности ДНК с использованием символов А, Т, С, G (например, ATCGTACG). 4. Текстовое описание формы молекулы без использования стандартизированных форматов. 5. Изображение вторичной структуры белка в виде схемы с обозначениями	последовательности в виде строки однобуквенных кодов (например, MKTVRQERLKS). 2. Представление пространственной структуры белка в формате PDB-файла с координатами атомов. 3. Описание последовательности ДНК с использованием символов А, Т, С, G (например, ATCGTACG).			
--	--	----------------------------------	---	--	--	--	--

			α-спиралей и β-листов. 6. Запись молекулярной массы белка в виде числового значения без дополнительной структурной информации.				
		2.Ситуационные задачи/кейсы	Вы — лаборант, готовите данные о структуре мутантного белка для анализа. Какой формат используете для записи первичной структуры?	строка кодов	да	да	нет

ОПК-5.2.1 Умеет оценить биохимические и физиологические процессы, происходящие в клетке человека.

Результаты освоения ОП (компетенции)	Индикаторы достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине
ОПК-5. Способен к организации и осуществлению прикладных и практических проектов и иных мероприятий по изучению биохимических и физиологических процессов и явлений, происходящих в клетке человека.	ОПК-5.2.1 Умеет оценить биохимические и физиологические процессы, происходящие в клетке человека.	у-1. Умеет оценивать белковые и нуклеотидные последовательности для решения профессиональных задач

№	Раздел(ы), подразделы(ы) дисциплины (модули, модульные единицы), формирующий(е) данный ЗУН	Тип задания	Содержание задания	Правильный ответ	Для какого вида контроля предназначен		
					ТК	СР	ПА

2.	Модуль 1. Биоинформатика последовательностей. Работа с базой данных по белкам UniProtKB. Парное и множественное выравнивание аминокислотных последовательностей в программах Clustal и системе BLAST. Методология обработки данных по аминокислотным последовательностям. Модуль 2. Структурная биоинформатика. Поиск 3D-структур белков. Выделение специфических сайтов связывания в программе Chem3D. Сравнение ключевых аминокислот в сайтах связывания белков человека и отобранных животных.	1. Выбор нескольких правильных ответов	Выберите три верных ответа из шести. Какие методы и инструменты позволяют оценить функциональное значение новой белковой последовательности? 1. Поиск гомологичных последовательностей в базе UniProtKB для выявления сходных функций. 2. Визуализация вторичной структуры с помощью графического редактора без анализа мотивов. 3. Анализ консервативных доменов с использованием базы данных InterPro. 4. Расчёт изоэлектрической точки без учёта других функциональных характеристик. 5. Предсказание третичной структуры с помощью ModBase или гомологического моделирования.	1. Поиск гомологичных последовательностей в базе UniProtKB для выявления сходных функций. 3. Анализ консервативных доменов с использованием базы данных InterPro. 5. Предсказание третичной структуры с помощью ModBase или гомологического моделирования.	да	да	нет
----	---	---	---	--	----	----	-----

			6. Ручное сравнение длины последовательности с другими белками без применения алгоритмов.				
		2.Ситуационные задачи/кейсы	Вы исследуете новую нуклеотидную последовательность. С чего начнёте оценку её функции? Назовите ключевой ресурс.	поиск в UniProtKB.	да	да	нет

ОПК-6.1.1. Знает правила работы в информационных системах и информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»; ресурсы биоинформатики; виды и назначение программных продуктов для решения профессиональных задач; основы информационной безопасности

Результаты освоения ОП (компетенции)	Индикаторы достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине
ОПК-6. Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности; выполнять требования информационной безопасности	ОПК-6.1.1. Знает правила работы в информационных системах и информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»; ресурсы биоинформатики; виды и назначение программных продуктов для решения профессиональных задач; основы информационной безопасности.	3-1. Знает основные понятия автоматизированной обработки информации; базовые системные программные продукты и пакеты прикладных программ в области профессиональной деятельности; основные методы и приемы обеспечения информационной безопасности.

№	Раздел(ы), подразделы(ы) дисциплины (модули, модульные единицы), формирующий(е) данный ЗУН	Тип задания	Содержание задания	Правильный ответ	Для какого вида контроля предназначен		
					ТК	СР	ПА

3.	Модуль 1. Биоинформатика последовательностей. Работа с базой данных по белкам UniProtKB. Парное и множественное выравнивание аминокислотных последовательностей в программах Clustal и системе BLAST. Методология обработки данных по аминокислотным последовательностям. Модуль 2. Структурная биоинформатика. Поиск 3D-структур белков. Выделение специфических сайтов связывания в программе Chem3D. Сравнение ключевых аминокислот в сайтах связывания белков человека и отобранных животных.	1. Выбор нескольких правильных ответов	Выберите три верных ответа из шести. Какие методы относятся к системному анализу в биоинформатике? 1) Парное выравнивание последовательностей в Clustal. 2) Построение генных сетей на основе данных RNA-seq. 3) Визуализация белок-белковых взаимодействий. 4) Поиск гомологов с помощью BLAST. 5) Анализ метаболических путей с использованием KEGG. 6) Ручное сравнение двух аминокислотных последовательностей.	2) Построение генных сетей на основе данных RNA-seq. 3) Визуализация белок-белковых взаимодействий. 5) Анализ метаболических путей с использованием KEGG.	да	да	нет
		2.Ситуационные задачи/кейсы	Вы отвечаете за безопасность в лаборатории. Назовите главный способ защиты данных при передаче.	защищённый канал	да	да	нет

ОПК-6.2.1. Умеет осуществлять поиск информации с использованием информационно-коммуникационных технологий и ресурсов биоинформатики для решения профессиональных задач.

Результаты освоения ОП (компетенции)	Индикаторы достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине
ОПК-6. Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности; выполнять требования информационной безопасности.	ОПК-6.2.1. Умеет осуществлять поиск информации с использованием информационно-коммуникационных технологий и ресурсов биоинформатики для решения профессиональных задач.	у-1. Умеет использовать технологии сбора, размещения, хранения, накопления, преобразования и передачи данных в профессионально ориентированных информационных системах

№	Раздел(ы), подразделы(ы) дисциплины (модули, модульные единицы), формирующий(е) данный ЗУН	Тип задания	Содержание задания	Правильный ответ	Для какого вида контроля предназначен		
					ТК	СР	ПА
4.	Модуль 1. Биоинформатика последовательностей. Работа с базой данных по белкам UniProtKB. Парное и множественное выравнивание аминокислотных последовательностей в программах Clustal и системе BLAST. Методология обработки данных по аминокислотным последовательностям. Модуль 2. Структурная биоинформатика. Поиск 3D-структур белков. Выделение	1. Выбор нескольких правильных ответов	Выберите три верных ответа из шести. Как применить системный анализ для изучения нового белка? 1) Выравнивать последовательность с известными белками в BLAST. 2) Игнорировать данные о взаимодействиях белка. 3) Построить сеть взаимодействий с другими молекулами. 4) Проанализировать	3) Построить сеть взаимодействий с другими молекулами. 4) Проанализировать экспрессию гена в разных тканях (по данным «Omics»). 6) Изучить вовлечённость белка в метаболические пути.	да	да	нет

	специфических сайтов связывания в программе Chem3D. Сравнение ключевых аминокислот в сайтах связывания белков человека и отобранных животных.		экспрессию гена в разных тканях (по данным «Omics»). 5) Ограничиться описанием первичной структуры. 6) Изучить вовлечённость белка в метаболические пути.				
		2.Ситуационные задачи/кейсы	Нужно найти клиническую значимость мутации гена. Какой ресурс используете первым?	ClinVar база.	да	да	нет

ОПК-6.2.2. Умеет использовать программные продукты в профессиональной деятельности с соблюдением правил информационной безопасности.

Результаты освоения ОП (компетенции)	Индикаторы достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине
ОПК-6. Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности; выполнять требования информационной безопасности.	ОПК-6.2.2. Умеет использовать программные продукты в профессиональной деятельности с соблюдением правил информационной безопасности.	у-2. Умеет использовать в профессиональной деятельности различные виды программного обеспечения, в т.ч. специального, с соблюдением правил информационной безопасности.

№	Раздел(ы), подразделы(ы)	Тип задания	Содержание задания	Правильный ответ	Для какого вида контроля
---	--------------------------	-------------	--------------------	------------------	--------------------------

	дисциплины (модули, модульные единицы), формирующий(е) данный ЗУН				предназначен		
					ТК	СР	ПА
5.	Модуль 1. Биоинформатика последовательностей. Работа с базой данных по белкам UniProtKB. Парное и множественное выравнивание аминокислотных последовательностей в программах Clustal и системе BLAST. Методология обработки данных по аминокислотным последовательностям. Модуль 2. Структурная биоинформатика. Поиск 3D-структур белков. Выделение специфических сайтов связывания в программе Chem3D. Сравнение ключевых аминокислот в сайтах связывания белков человека и отобранных животных.	1. Выбор нескольких правильных ответов	Выберите три верных ответа из шести. Как использовать системный анализ для исследования белок-лигандных взаимодействий? 1) Провести докинг с несколькими лигандами из DrugBank. 2) Ограничиться анализом одного сайта связывания. 3) Сравнить аффинность связывания у гомологов из разных видов. 4) Игнорировать структурные данные о белке. 5) Построить карту взаимодействий лиганд–белок–путь. 6) Использовать только экспериментальные данные без моделирования.	1) Провести докинг с несколькими лигандами из DrugBank. 3) Сравнить аффинность связывания у гомологов из разных видов. 5) Построить карту взаимодействий лиганд–белок–путь.	да	да	нет
		2. Ситуационные задачи/кейсы	Вы проводите докинг лиганда в белок. Какое ПО примените для	PyMOL	да	да	да

			визуализации комплекса?			
--	--	--	-------------------------	--	--	--

ОПК-6.3.1. Владеет навыками обеспечения информационно-технологической поддержки в профессиональной деятельности с учетом требований информационной безопасности.

Результаты освоения ОП (компетенции)	Индикаторы достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине
ОПК-6. Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности; выполнять требования информационной безопасности.	ОПК-6.3.1. Владеет навыками обеспечения информационно-технологической поддержки в профессиональной деятельности с учетом требований информационной безопасности	н-1. Владеет навыками проведения научных исследований с применением информационных технологий.

№	Раздел(ы), подразделы(ы) дисциплины (модули, модульные единицы), формирующий(е) данный ЗУН	Тип задания	Содержание задания	Правильный ответ	Для какого вида контроля предназначен		
					ТК	СР	ПА
6.	Модуль 1. Биоинформатика последовательностей. Работа с базой данных по белкам UniProtKB. Парное и множественное выравнивание аминокислотных последовательностей в программах Clustal и системе BLAST. Методология обработки	1. Выбор нескольких правильных ответов	Выберите три верных ответа из шести. Что демонстрирует владение методами функционального анализа? 1) Способность предсказать функцию белка по консервативным доменам.	1) Способность предсказать функцию белка по консервативным доменам. 3) Навык аннотирования генов на основе GO терминов. 4) Знание баз данных	да	да	нет

	данных по аминокислотным последовательностям. Модуль 2. Структурная биоинформатика. Поиск 3D-структур белков. Выделение специфических сайтов связывания в программе Chem3D. Сравнение ключевых аминокислот в сайтах связывания белков человека и отобранных животных.		2) Умение построить филогенетическое дерево без связи с функцией. 3) Навык аннотирования генов на основе GO терминов. 4) Знание баз данных по метаболическим путям (KEGG). 5) Расчёт изоэлектрической точки белка без контекста. 6) Анализ экспрессии гена без учёта биологической роли.	по метаболическим путям (KEGG).			
		2.Ситуационные задачи/кейсы	Вы руководите GWAS-проектом. Какое ПО используете для статистической обработки?	PLINK	да	да	нет

2. Вопросы для подготовки к промежуточной аттестации:

- 1) Способы записи данных о структуре макромолекул
- 2) Сохранение данных.
- 3) Поиск информации в сети Интернет.
- 4) База знаний по белкам UniProtKB
- 5) Банк данных по нуклеотидным последовательностям GenBank.
- 6) База данных трехмерных структур биологических макромолекул (белков и нуклеиновых кислот) PDB (PDBe).
- 7) Поиск информации о первичной аминокислотной последовательности белков, о пространственной структуре биомолекул (белки, ДНК, РНК и др.).
- 8) Основные базы данных. Понятие, классификация
- 9) Основные базы данных. Характеристики
- 10) Пространственные структуры белков и принципы структурно-функциональной организации биомолекул. Группы белков.

- 11) Парное и множественное выравнивание
- 12) Поиск гомологичных структур для заданной последовательности.
- 13) Программа Clustal.
- 14) Система BLAST.
- 15) Построение филогенетических деревьев.
- 16) Анализ филогенетических деревьев.
- 17) Анализ пространственных структур белков
- 18) Поиск доменов.
- 19) Графические средства визуализации биомакромолекул и их лигандов.
- 20) Способы представления структуры химических соединений.
- 21) Методы поиска лекарств *in silico*.
- 22) Молекулярно-механическое моделирование.
- 23) Квантово-химическое моделирование.
- 24) Молекулярная динамика.
- 25) Докинг.
- 26) Моделирование третичной структуры белков по гомологии.
- 27) Программы 3D-визуализации пространственных структур белков.
- 28) Геномные базы данных.
- 29) Протеомные базы данных.
- 30) Метаболомные базы данных.
- 31) Визуализация биологических сетей
- 32) Программа Cytoscape.
- 33) Методы секвенирования
- 34) ПЦР.
- 35) Расшифровка результатов.
- 36) Генотипирование.
- 37) Структура генома.
- 38) Типы мутаций.
- 39) Полногеномный анализ ассоциаций (GWAS).
- 40) Моногенные заболевания.
- 41) Однонуклеотидный полиморфизм SNP.
- 42) Одноаминокислотный полиморфизм SAP.
- 43) Персонализированная медицина.

- 44) Персональная геномика.
- 45) Фармакогеномика. Персонализированный подбор лекарственных препаратов.
- 46) «Omics» технологии в клинической практике.
- 47) Сетевая фармакология.
- 48) Мультитаргетность. Полифункциональность.

3. Пример билета для промежуточной аттестации:

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«Волгоградский государственный медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации

Дисциплина: «Биоинформатика»

Специалитет по специальности 30.05.01 Медицинская биохимии, направленность (профиль) Медицинская биохимия

Учебный год: 2026 - 2027

билет №1

- 1. Способы записи данных о структуре макромолекул.
- 2. Докинг.

Заведующий кафедрой

А.А. Спасов

В полном объеме фонд оценочных средств по дисциплине доступен в ЭИОС ФГБОУ ВО ВолгГМУ Минздрава России по ссылке(ам):

<https://study.volgmed.ru/enrol/index.php?id=15358>

Рассмотрено на заседании кафедры фармакологии и биоинформатики, протокол №18 от 11.06.2026 г.

Заведующий кафедрой

A handwritten signature in blue ink, appearing to read "А.А. Спасов". The signature is stylized with a large, sweeping initial "А" and a clear "Спасов" following it.

А.А. Спасов