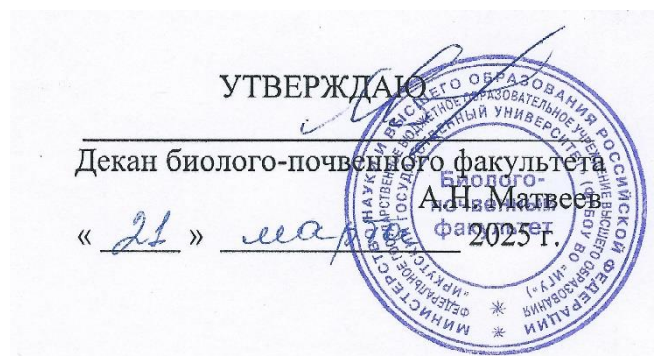




**МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ**
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
ФГБОУ ВО «ИГУ»
Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики



ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ
для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине:

Б1.В.15 «ГЕНОМНЫЕ И ПОСТГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ»

Специальность: 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

Специализация: Биоинженерия и биоинформатика

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная

Согласовано с УМК биолого-почвенного
факультета
Протокол № 5 от 21 марта 2025 г.
Председатель А.Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой физико-химической
биологии, биоинженерии и биоинформатики
Протокол № 12 от 19 марта 2025 г.
Зав. кафедрой В.П. Саловарова

Иркутск 2025 г.

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ

Разработан для учебной дисциплины Б1.В.15 «Геномные и постгеномные технологии», специальность 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», Специализация: «Биоинженерия и биоинформатика». Фонд оценочных материалов (ФОМ) включает оценочные материалы для проведения текущего контроля, промежуточной аттестации в форме зачета.

Оценочные материалы соотнесены с требуемыми результатами освоения образовательной программы 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», в соответствии с содержанием рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.15 «Геномные и постгеномные технологии», с учетом ОПОП.

Нормативные документы, регламентирующие разработку ФОМ:

- статья 2, часть 9 Федерального закона «Об образовании в Российской Федерации», ФЗ-273, от 29.12.2012 г.;

- ФГОС ВО по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 12 августа 2020 г. № 973.

1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины (4 курс, 8 семестр)

ПК-1: Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных организмов, а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам.

Компетенции	Индикаторы компетенций	Планируемые результаты обучения	Формы и методы контроля и оценки
ПК-1 Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам	ИДК ПК 1.1 Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	Знает: принципы секвенирования и аннотирования полнотекстового генома, основные методы и подходы анализа генетической информации, основанные на постгеномных технологиях, области применения геномных и постгеномных технологий в медицине, сельском хозяйстве и биотехнологиях, молекулярные механизмы регуляции экспрессии генов и передачи наследственной информации, основные базы данных, содержащие информацию о геномах и транскриптомах организмов. Умеет: демонстрировать знание принципов организации, реализации и передачи генетической информации; использовать полученные знания и навыки для решения профессиональных задач, в частности, при проведении научных исследований и разработок в области современной экспериментальной биологии, экологии, биомедицины и	Текущий контроль: - тестирование Промежуточная аттестация: зачет

		<p>биотехнологии, осуществлять обзор и анализ современной научной литературы, составлять научные и аналитические отчеты по теме исследования.</p> <p>Владеет: теоретическими и практическими основами молекулярно-биологических методов и подходов, навыками работы с основными генетическими базами данных, средствами анализа молекулярно-биологической информации.</p>	
	<p><i>ИДК ПК 1.2</i></p> <p>Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p>Знать: теоретические основы методов анализа больших объемов молекулярно-генетических данных.</p> <p>Уметь: использовать современные методы анализа геномных и транскриптомных данных в профессиональной деятельности.</p> <p>Владеть: методами анализа, описания, интерпретации и визуализации больших выборок биологических данных.</p>	<p>Текущий контроль: - тестирование</p> <p>Промежуточная аттестация: зачет</p>
	<p><i>ИДК ПК 1.3</i></p> <p>Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач профессиональной деятельности</p>	<p>Знать: теоретические и методологические подходы для разработки новых технологий геномного секвенирования, а также анализа большого объема биоинформационных биологических данных.</p> <p>Уметь: творчески применять данные о геномных и постгеномных технологиях для разработки новых моделей анализа больших объемов биологических данных.</p> <p>Владеть: владеет методами выработки рекомендаций для решения новых задач в области анализа геномов и данных, полученных на их основе.</p>	<p>Текущий контроль: - тестирование,</p> <p>Промежуточная аттестация: зачет</p>

2. Оценочные материалы для проведения текущего контроля

2.1 Тестирование

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тип задания для промежуточной аттестации																											
		Задание закрытого типа на установление соответствия	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из предложенных и аргументацией выбора	Задание открытого типа с развернутым ответом																								
ПК-1 Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ	ИДК ПК 1.1 Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	Задание 1 Прочитайте задание и укажите цифру, соответствующую длине рида: Установите соответствие между типом полногеномного секвенирования и средней длиной рида: 1. SOLiD 2. Ion Torrent 3. Illumina 4. PacBio (SMRT) 5. Oxford Nanopore	Задание 2 Прочитайте задание: Расположите в правильной последовательности стадии полногеномного секвенирования: а) оценка качества геномной ДНК б) выделение геномной ДНК в) фрагментация геномной ДНК г) биоинформационный анализ	Задание 3 Внимательно прочитайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор: Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании Illumina: а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР	Задание 4 Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ: Опишите принцип секвенирования ДНК методом Сэнгера.																								
		<table><tr><th>Длина рида</th><th>Цифра</th></tr><tr><td>150-300 п.о.</td><td></td></tr><tr><td>от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td><td></td></tr><tr><td>100-400 п.о.</td><td></td></tr><tr><td>от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)</td><td></td></tr><tr><td>около 35-75 п.о.</td><td></td></tr></table>	Длина рида	Цифра	150-300 п.о.		от 10 000 до 30 000 п.о. и более		100-400 п.о.		от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)		около 35-75 п.о.		Правильный ответ <table><tr><th>Температура</th><th>Цифра</th></tr><tr><td>150-300 п.о.</td><td>3</td></tr><tr><td>от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td><td>4</td></tr></table>	Температура	Цифра	150-300 п.о.	3	от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4	Правильный ответ <table><tr><td>б</td><td>а</td><td>в</td><td>д</td><td>г</td></tr></table>	б	а	в	д	г	Правильный ответ б) Обоснование Технология компании Illumina основана на	Эталонный ответ 1) Метод основан на электрофоретическом разделении фрагментов ДНК, полученных в результате ограниченного синтеза цепи с одного праймера в присутствии как обычных, так и терминирующих нуклеотидов (меченых флуорисцентным красителем или обладающим радиоактивностью). В результате реакции терминирования образуются фрагменты, отличающиеся друг от друга в длину на один нуклеотид. В результате их разделения методом электрофореза восстанавливается
		Длина рида	Цифра																										
		150-300 п.о.																											
от 10 000 до 30 000 п.о. и более																													
100-400 п.о.																													
от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)																													
около 35-75 п.о.																													
Температура	Цифра																												
150-300 п.о.	3																												
от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4																												
б	а	в	д	г																									

большого массива информации по биологическим объектам		<table><tr><td>100-400 п.о.</td><td>2</td></tr><tr><td>от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)</td><td>5</td></tr><tr><td>около 35-75 п.о.</td><td>1</td></tr></table>	100-400 п.о.	2	от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)	5	около 35-75 п.о.	1		детекции сигнала, исходящего от так называемых «полоний», образующихся в результате мостиковой ПЦР <i>in silico</i> .	последовательность искомой цепи ДНК.											
	100-400 п.о.	2																				
	от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)	5																				
около 35-75 п.о.	1																					
<p><i>ИДК ПК 1.2</i> Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p>Задание 5 <i>Прочитайте задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</i> Установите соответствие между названием технологии и методом, на котором она основана:</p> <table><tr><th>Технология</th><th>Принцип</th></tr><tr><td>1) SOLiD</td><td>а) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами</td></tr><tr><td>2) Ion Torrent</td><td>б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи</td></tr><tr><td>3) Illumina</td><td>в) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока</td></tr></table>	Технология	Принцип	1) SOLiD	а) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами	2) Ion Torrent	б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи	3) Illumina	в) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока	<p>Задание 6 <i>Прочитайте задание.</i> Расположите в правильной последовательности виды секвенирования ДНК в порядке их появления от самого первого до современного: а) Полупроводниковое секвенирование б) Пиросеквенирование в) Нанопоровое секвенирование синтезом г) Секвенирование лигированием д) Секвенирование методом обрыва цепи по Сэнгенру</p> <p>Ответ: <table><tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table></p> <p>Правильный ответ <table><tr><td>д</td><td>б</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td></tr></table></p>						д	б	г	а	в	<p>Задание 7 <i>Внимательно прочитайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании BGI:</p> <p>а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР</p> <p>Ответ: _____ Обоснование: _____</p> <p>Правильный ответ: в) Обоснование: Технология секвенирования ДНК компании BGI основана на отказе от амплификации ДНК с</p>	<p>Задание 8 <i>Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Illumina.</p> <p>Эталонный ответ Секвенирование ДНК по технологии Illumina— секвенирование путём синтеза цепи. ДНК образец разбивают на небольшие фрагменты с помощью физических или ферментативных методов и лигируют с адаптерами - последовательностями, которые обеспечивают прикрепление молекулы к поверхности твёрдой фазы и протекание реакции секвенирования. Каждый адаптер содержит участок, комплементарный олигонуклеотиду в проточной ячейке, а также молекулярный маркер — индекс. Индексы позволяют отличить один образец от другого и делают возможным мультиплексирование —</p>
Технология	Принцип																					
1) SOLiD	а) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами																					
2) Ion Torrent	б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи																					
3) Illumina	в) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока																					
д	б	г	а	в																		

	<div>4) Oxford Nanopore</div> <div>г) полупроводниковое секвенирование на основе измерения показателя pH</div> <div><table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table><div>Правильный ответ</div><table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td>б</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td></tr></table></div>	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	б	г	а	в		<div>помощью ПЦР, дающей ошибки. Вместо ПЦР предлагается использовать так называемую амплификацию по типу катящегося шара, в которой в качестве матрицы используется кольцевая молекула ДНК. Таким образом матрицей для амплификации в каждом последующем цикле служит одна и та же молекула, что снижает риск мультипликации ошибки, которая характерна для обычной ПЦР.</div>	<div>секвенирование нескольких образцов в одной проточной ячейке прибора. Фрагменты ДНК с адаптерами используют как матрицы для амплификации на твёрдой поверхности с помощью мостиковой ПЦР. В процессе секвенирования в проточную ячейку добавляют флуоресцентно меченные нуклеотиды, которые встраиваются в растущую цепь ДНК. В момент встраивания детектируется флуоресцентный сигнал, соответствующий одному из 4-х нуклеотидов.</div>
1)	2)	3)	4)																	
1)	2)	3)	4)																	
б	г	а	в																	
<div>ИДК ОПК-1.3 Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач</div>	<div>Задание 9 Прочитайте задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами: Установите соответствие между видом полногеномного секвенирования и его средней стоимостью:</div> <div><table><tr><td>Технология</td><td>Описание технологии</td></tr><tr><td>1) Секвенирование ДНК</td><td>а) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.</td></tr><tr><td>2) Редактирование геномов</td><td>б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.</td></tr></table></div>	Технология	Описание технологии	1) Секвенирование ДНК	а) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.	2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.	<div>Задание 10 Прочитайте задание Расположите в правильной последовательности технологии полногеномного секвенирования по увеличению средней длины ридов: а) PacBio (SMRT) б) Ion Torrent в) Illumina г) SOLiD д) Oxford Nanopore Ответ:</div> <div><table><tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table><div>Правильный ответ</div><table><tr><td>г</td><td>б</td><td>в</td><td>а</td><td>д</td></tr></table></div>						г	б	в	а	д	<div>Задание 11 Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор: В каких из перечисленных технологий секвенирования используется ДНК-полимераза: а) Секвенирование по Сэнгеру б) Полупроводниковое секвенирование в) Секвенирование лигированием г) Секвенирование полоний по технологии Illumina</div>	<div>Задание 12 Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование).</div> <div>Эталонный ответ Принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование) основан на обнаружении ионов водорода, которые выделяются во время полимеризации ДНК. В каждую микролульку на полупроводниковом чипе, содержащую одну</div>
Технология	Описание технологии																			
1) Секвенирование ДНК	а) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.																			
2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.																			
г	б	в	а	д																

	профессиональн ой деятельности	<table><tr><td>3) Протеомик а</td><td>в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.</td></tr><tr><td>4) Транскрип томика</td><td>г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.</td></tr></table> <table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table> <p>Правильный ответ</p> <table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td>в</td><td>б</td><td>а</td><td>г</td></tr></table>	3) Протеомик а	в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.	4) Транскрип томика	г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	в	б	а	г	<table><tr><td>д) Нанопоровое секвенирование е) Секвенирование Максама-Гилберта</td><td>подлежащую секвенированию одноцепочечную молекулу ДНК-матрицы и ДНК- полимеразу, последовательно заливают немодифицированные нуклеотиды одного типа (А, С, G или Т). Если введенный нуклеотид комплементарен следующему непарному нуклеотиду на матричной цепи, он включается в растущую комплементарную цепь с помощью ДНК- полимеразы. Ион водорода, который выделяется в реакции, изменяет pH раствора, что обнаруживается ионным датчиком ISFET. Не прореагировавшие нуклеотиды вымываются перед следующим циклом, когда будут введены другие виды dNTP.</td></tr></table>	д) Нанопоровое секвенирование е) Секвенирование Максама-Гилберта	подлежащую секвенированию одноцепочечную молекулу ДНК-матрицы и ДНК- полимеразу, последовательно заливают немодифицированные нуклеотиды одного типа (А, С, G или Т). Если введенный нуклеотид комплементарен следующему непарному нуклеотиду на матричной цепи, он включается в растущую комплементарную цепь с помощью ДНК- полимеразы. Ион водорода, который выделяется в реакции, изменяет pH раствора, что обнаруживается ионным датчиком ISFET. Не прореагировавшие нуклеотиды вымываются перед следующим циклом, когда будут введены другие виды dNTP.
3) Протеомик а	в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.																								
4) Транскрип томика	г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.																								
1)	2)	3)	4)																						
1)	2)	3)	4)																						
в	б	а	г																						
д) Нанопоровое секвенирование е) Секвенирование Максама-Гилберта	подлежащую секвенированию одноцепочечную молекулу ДНК-матрицы и ДНК- полимеразу, последовательно заливают немодифицированные нуклеотиды одного типа (А, С, G или Т). Если введенный нуклеотид комплементарен следующему непарному нуклеотиду на матричной цепи, он включается в растущую комплементарную цепь с помощью ДНК- полимеразы. Ион водорода, который выделяется в реакции, изменяет pH раствора, что обнаруживается ионным датчиком ISFET. Не прореагировавшие нуклеотиды вымываются перед следующим циклом, когда будут введены другие виды dNTP.																								

Критерии оценки результатов тестирования

№	Тип задания	Критерии оценки	Результат оценивания
1	Задание закрытого типа на установление соответствия	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного верного ответа из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание комбинированного типа с выбором нескольких верных ответов из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
5	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если ответ совпадает с эталонным ответом по содержанию и полноте	Полное соответствие эталонному ответу – 1 балл Соответствие общей сути эталонного ответа – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов

Процент результативности	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл (отметка)	Вербальный аналог
86 % - 100 %	ПК-1	5	отлично
71 % - 85 %	ПК-2	4	хорошо
51 % - 70 %		3	удовлетворительно
0 % - 50 %		2	неудовлетворительно

3. Оценочные материалы, используемые при проведении промежуточной аттестации (зачет)

К зачету допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу, успешно сдавшие все предусмотренные формы текущего контроля. Студенты, имеющие задолженность по текущему контролю, должны выполнить все обязательные виды деятельности по учебному плану, и только затем допускаются к зачету.

Зачет проводится в форме **тестирования**. Примерный список вопросов для подготовки к выполнению тестовых заданий к зачету см. в программе «Геномные и постгеномные технологии».

Задания для тестирования

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тип задания для промежуточной аттестации																				
		Задание закрытого типа на установление соответствия	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из предложенных и аргументацией выбора	Задание открытого типа с развернутым ответом																	
ПК-1 Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по	ИДК ПК 1.1 Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	Задание 1 <i>Прочитайте задание и укажите цифру, соответствующую длине рида:</i> Установите соответствие между типом полногеномного секвенирования и средней длиной рида: 1. SOLiD 2. Ion Torrent 3. Illumina 4. PacBio (SMRT) 5. Oxford Nanopore	Задание 2 <i>Прочитайте задание</i> Расположите в правильной последовательности стадии полногеномного секвенирования: а) оценка качества геномной ДНК б) выделение геномной ДНК в) фрагментация геномной ДНК г) биоинформационный анализ	Задание 3 <i>Внимательно прочитайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании Illumina: а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР	Задание 4 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ</i> Опишите принцип секвенирования ДНК методом Сэнгера.																	
		<table><tr><th>Длина рида</th><th>Цифра</th></tr><tr><td>150-300 п.о.</td><td></td></tr><tr><td>от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td><td></td></tr><tr><td>100-400 п.о.</td><td></td></tr><tr><td>от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные рида)</td><td></td></tr><tr><td>около 35-75 п.о.</td><td></td></tr></table>	Длина рида	Цифра	150-300 п.о.		от 10 000 до 30 000 п.о. и более		100-400 п.о.		от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные рида)		около 35-75 п.о.		Ответ <table><tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table>						Ответ _____ Обоснование _____	
		Длина рида	Цифра																			
		150-300 п.о.																				
от 10 000 до 30 000 п.о. и более																						
100-400 п.о.																						
от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные рида)																						
около 35-75 п.о.																						
Правильный ответ	<table><tr><th>Температура</th><th>Цифра</th></tr><tr><td>150-300 п.о.</td><td>3</td></tr><tr><td>от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td><td>4</td></tr><tr><td>100-400 п.о.</td><td>2</td></tr></table>	Температура	Цифра	150-300 п.о.	3	от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4	100-400 п.о.	2	Правильный ответ <table><tr><td>б</td><td>а</td><td>в</td><td>д</td><td>г</td></tr></table>	б	а	в	д	г	Правильный ответ б) Обоснование Технология компании Illumina основана на детекции сигнала,	Эталонный ответ 1) Метод основан на электрофоретическом разделении фрагментов ДНК, полученных в результате ограниченного синтеза цепи с одного праймера в присутствии как обычных, так и терминирующих нуклеотидов (меченых флуорисцентным красителем или обладающим радиоактивностью). В результате реакции терминирования образуются фрагменты, отличающиеся друг от друга в длину на один нуклеотид. В результате их разделения методом электрофореза восстанавливается					
Температура	Цифра																					
150-300 п.о.	3																					
от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4																					
100-400 п.о.	2																					
б	а	в	д	г																		

биологическим объектам		от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)	5		исходящего от так называемых «полоний», образующихся в результате мостиковой ПЦР <i>in silico</i> .	последовательность искомой цепи ДНК.																				
		около 35-75 п.о.	1																							
<div>ИДК ПК 1.2</div> <div>Умеет использовать фундаментальны е знания и современные методологическ ие подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационны х моделей и практических разработок в сфере профессиональн ой деятельности.</div>	Задание 5 <i>Прочитайте задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</i> Установите соответствие между название технологии и методом на котором она основана:	<table><tr><th>Технология</th><th>Принцип</th></tr><tr><td>1) SOLiD</td><td>а) Секвенировани е полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующи ми нуклеотидами</td></tr><tr><td>2) Ion Torrent</td><td>б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи</td></tr><tr><td>3) Illumina</td><td>в) секвенировани е через нанопору на основе измерения показателя силы тока</td></tr><tr><td>4) Oxford Nanopore</td><td>г) полупроводник овое</td></tr></table>	Технология	Принцип	1) SOLiD	а) Секвенировани е полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующи ми нуклеотидами	2) Ion Torrent	б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи	3) Illumina	в) секвенировани е через нанопору на основе измерения показателя силы тока	4) Oxford Nanopore	г) полупроводник овое		Задание 6 <i>Прочитайте задание</i> Расположите в правильной последовательности виды секвенирования ДНК в порядке их появления от самого первого до современного: а) Полупроводниковое секвенирование б) Пиросеквенирование в) Нанопоровое секвенирование синтезом г) Секвенирование лигированием д) Секвенирование методом обрыва цепи по Сэнгенру Ответ: <table><tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table> Правильный ответ <table><tr><td>д</td><td>б</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td></tr></table>						д	б	г	а	в	Задание 7 <i>Внимательно прочитайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании BGI: а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР Ответ_____ Обоснование_____	Задание 8 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Illumina. Эталонный ответ Секвенирование ДНК по технологии Illumina— секвенирование путём синтеза цепи. ДНК образец разбивают на небольшие фрагменты с помощью физических или ферментативных методов и лигируют с адаптерами - последовательностями, которые обеспечивают прикрепление молекулы к поверхности твёрдой фазы и протекание реакции секвенирования. Каждый адаптер содержит участок, комплементарный олигонуклеотиду в проточной ячейке, а также молекулярный маркер — индекс. Индексы позволяют отличить один образец от другого и делают возможным мультиплексирование — секвенирование нескольких
	Технология	Принцип																								
	1) SOLiD	а) Секвенировани е полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующи ми нуклеотидами																								
	2) Ion Torrent	б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи																								
	3) Illumina	в) секвенировани е через нанопору на основе измерения показателя силы тока																								
4) Oxford Nanopore	г) полупроводник овое																									
д	б	г	а	в																						

	<table><tr><td></td><td>секвенирование на основе измерения показателя pH</td></tr></table> <table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table> <p>Правильный ответ</p> <table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td>б</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td></tr></table>		секвенирование на основе измерения показателя pH	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	б	г	а	в		<p>ошибки. Вместо ПЦР предлагается использовать так называемую амплификацию по типу катящегося шара, в которой в качестве матрицы используется кольцевая молекула ДНК. Таким образом матрицей для амплификации в каждом последующем цикле служит одна и та же молекула, что снижает риск мультипликации ошибки, которая характерна для обычной ПЦР.</p>	<p>образцов в одной проточной ячейке прибора. Фрагменты ДНК с адаптерами используют как матрицы для амплификации на твёрдой поверхности с помощью мостиковой ПЦР. В процессе секвенирования в проточную ячейку добавляют флуоресцентно меченные нуклеотиды, которые встраиваются в растущую цепь ДНК. В момент встраивания детектируется флуоресцентный сигнал, соответствующий одному из 4-х нуклеотидов.</p>
	секвенирование на основе измерения показателя pH																					
1)	2)	3)	4)																			
1)	2)	3)	4)																			
б	г	а	в																			
<p><i>ИДК ОПК-1.3</i> Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач профессиональной деятельности</p>	<p>Задание 9 <i>Прочитайте задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</i> Установите соответствие между технологией и ее описанием:</p> <table><tr><th>Технология</th><th>Описание технологии</th></tr><tr><td>1) Секвенирование ДНК</td><td>а) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.</td></tr><tr><td>2) Редактирование геномов</td><td>б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.</td></tr></table>	Технология	Описание технологии	1) Секвенирование ДНК	а) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.	2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.	<p>Задание 10 <i>Прочитайте задание</i> Расположите в правильной последовательности технологии полногеномного секвенирования по увеличению средней длины ридов: а) PacBio (SMRT) б) Ion Torrent в) Illumina г) SOLiD д) Oxford Nanopore Ответ:</p> <table><tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table> <p>Правильный ответ</p> <table><tr><td>г</td><td>б</td><td>в</td><td>а</td><td>д</td></tr></table>						г	б	в	а	д	<p>Задание 11 <i>Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:</i> В каких из перечисленных технологий секвенирования используется ДНК-полимераза: а) Секвенирование по Сэнгеру б) Полупроводниковое секвенирование в) Секвенирование лигированием г) Секвенирование полоний по технологии Illumina д) Нанопоровое секвенирование</p>	<p>Задание 12 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование) основан на обнаружении ионов водорода, которые выделяются во время полимеризации ДНК. В каждую микролунку на полупроводниковом чипе, содержащую одну подлежащую</p>		
Технология	Описание технологии																					
1) Секвенирование ДНК	а) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.																					
2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.																					
г	б	в	а	д																		

		<table><tr><td>3) Протеомик а</td><td>в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.</td></tr><tr><td>4) Транскрип томика</td><td>г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.</td></tr></table> <table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr></table> <p>Правильный ответ</p> <table><tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr><tr><td>в</td><td>б</td><td>а</td><td>г</td></tr></table>	3) Протеомик а	в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.	4) Транскрип томика	г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	в	б	а	г		<p>е) Секвенирование Максама-Гилберта</p> <p>Ответ: _____</p> <p>Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: а), б), г), д)</p> <p>Обоснование: Для секвенирования методом лигирования вместо полимеразы используется другой фермент – лигаза, а метод Максама-Гилберта не использует классических ферментов молекулярной биологии и является методом на основе химической модификации секвенируемых молекул ДНК. В некоторые модификациях метода нанопорового секвенирования используется полимеразы за замедления прохождения молекулы ДНК через пору.</p>	<p>секвенированию одноцепочечную молекулу ДНК-матрицы и ДНК-полимеразу, последовательно заливают немодифицированные нуклеотиды одного типа (А, С, G или Т). Если введенный нуклеотид комплементарен следующему непарному нуклеотиду на матричной цепи, он включается в растущую комплементарную цепь с помощью ДНК-полимеразы. Ион водорода, который выделяется в реакции, изменяет pH раствора, что обнаруживается ионным датчиком ISFET. Не прореагировавшие нуклеотиды вымываются перед следующим циклом, когда будут введены другие виды dNTP.</p>
3) Протеомик а	в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.																								
4) Транскрип томика	г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.																								
1)	2)	3)	4)																						
1)	2)	3)	4)																						
в	б	а	г																						
			<p>Задание 13 <i>Прочитайте задание</i> Расположите в правильной последовательности основные этапы анализа экспрессии генов с использованием технологии RNA-seq:</p>	<p>Задание 14 <i>Внимательно прочитайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных ПЦР используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии 454 Life</p>	<p>Задание 15 <i>Прочитайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии SOLiD (секвенирование лигированием).</p> <p>Эталонный ответ</p>																				

а) Подготовка библиотеки для секвенирования
 б) Биоинформатический анализ полученных последовательностей
 в) Секвенирование кДНК на платформе NGS
 г) Преобразование РНК в кДНК
 д) Извлечение РНК из клеточного образца

Ответ:

--	--	--	--	--

Правильный ответ

д	г	а	в	б
---	---	---	---	---

Sciences (пиросеквенирование):

а) стандартная ПЦР
 б) мостиковая ПЦР
 в) сборочная ПЦР
 г) инвертированная ПЦР
 д) эмульсионная ПЦР

Ответ _____
 Обоснование _____

Правильный ответ:
 д)

Обоснование:
 Эмульсионная ПЦР (эмПЦР) — это разновидность полимеразной цепной реакции, при которой реакционная смесь разделяется на миллионы микрокапель в водно-масляной эмульсии, каждая из которых служит отдельным мини-ПЦР-реактором. Каждая такая капля, содержащая множество копий секвенируемой ДНК прикрепленных к поверхности специального шарика, в последствии подвергается реакции пиросеквенирования.

Главное отличие SOLiD от других технологий — использование лигирования вместо синтеза, и кодирование динуклеотидов через флуоресцентные метки, что повышает точность при обнаружении ошибок в секвенировании. К секвенируемой последовательности ДНК добавляют короткие восьминуклеотидные зонды с флуоресцентными метками. Первые два основания зонда комплементарны двум нуклеотидам на матрице. Лигаза прикрепляет зонд к праймеру. После каждого лигирования измеряется флуоресценция, которая кодирует пару нуклеотидов, затем зонд разрезается и отщепляется с 3’-конца, позволяя следующему циклу продолжить лигирование. Для повышения точности секвенирования проводится пять раундов с праймерами разной длины, что позволяет прочитывать каждый нуклеотид дважды. Полученные флуоресцентные сигналы интерпретируются в последовательность ДНК, обеспечивая высокую точность и объем данных.

				<p>Задание 16 <i>Внимательно прочитайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных постгеномных технологий используется для мониторинга изменений в геноме или транскриптоме под воздействием различных условий, лекарств или заболеваний:</p> <p>а) технология на основе ДНК-микрочипов (Microarray) б) целевое секвенирование (target sequencing). в) анализ полиморфизма нуклеотида (SNP). г) секвенирование геномов отдельных клеток и органелл (Single cell sequencing) д) нанопоровое секвенирование</p> <p>Ответ _____ Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: а)</p>	<p>Задание 17 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Oxford Nanopore (нанопоровое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования ДНК по технологии Oxford Nanopore основан на прохождении молекулы ДНК или РНК через нанопору — белковое отверстие в мембране с диаметром в несколько нанометров под воздействием электрического поля. При прохождении нуклеиновой кислоты через нанопору происходит изменение ионного тока, которое зависит от последовательности нуклеотидов. Эти изменения фиксируются в реальном времени и преобразуются в информацию о последовательности нуклеотидов.</p>
--	--	--	--	---	--

				<p>Обоснование: Мониторинг изменений в геноме или транскриптоме под действием внешних факторов подразумевает анализ сразу нескольких тысяч последовательностей ДНК или РНК. Наиболее эффективно с этой задачей справляется технология ДНК-микрочипов (Microarray), которая позволяет анализировать тысячи целевых молекул без параллельного анализа «мусорной» ДНК или ДНК с неизвестными функциями, которая является обязательным атрибутом при полногеномном секвенировании.</p>	
					<p>Задание 18 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии PacBio (нанопоровое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования ДНК по технологии PacBio (Single Molecule Real-Time Sequencing, SMRT) основывается на</p>

					<p>наблюдении за синтезом новой цепи ДНК отдельной молекулой ДНК-полимеразы в реальном времени. Секвенируемая двухцепочечная молекула ДНК снабжается адаптерами и подвергается циклизации. Полученная кольцевая ДНК в комплексе с ДНК-полимеразой (SMRTbell) помещается в крошечные наноколодцы (Zero Mode Waveguides, ZMW), которые подсвечиваются лазером с разных длин волн. В процессе синтеза комплементарной цепи ДНК к цепи-матрице полимеразы добавляет нуклеотиды, меченные флуоресцентными метками. Каждое добавление основания фиксируется детекторами в реальном времени по световому сигналу при прохождении через ZMW. Полученные данные позволяют определить последовательность нуклеотидов и выявить модификации, а многократное чтение кольцевой ДНК повышает точность секвенирования. Технология PacBio позволяет получать очень длинные риды (до 20-30 тыс. нуклеотидов и более), что важно для сборки сложных</p>
--	--	--	--	--	---

					геномов и анализа структурных вариаций.
					<p>Задание 19 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i></p> <p>Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии DNBSEQ (MGI)</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования MGI (технология DNBSEQ) основан на создании кольцевой одноцепочечной ДНК, которая с помощью амплификации по типу катящегося кольца (Rolling Circle Amplification, RCA) преобразуется в уникальные структуры — ДНК-шарики (DNA Nanoballs, DNB). Далее ДНК-шарики иммобилизуют на поверхность чипа в плотных рядах. Затем происходит секвенирование методом синтеза с использованием флуоресцентно меченых нуклеотидов. Технология позволяет минимизировать количество ошибок за счет отказа от традиционной ПЦР и использования высокоточной полимеразы.</p>
					<p>Задание 20 <i>Прочитайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i></p>


					<p>Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии 454 Life Sciences (пиросеквенирование)</p> <p>Эталонный ответ Принцип полногеномного секвенирования по технологии 454 Life Sciences (пиросеквенирование) основан на регистрации высвобождения пирофосфата, который образуется при встраивании нуклеотида в синтезируемую цепь ДНК полимеразой. В реакции секвенирования используются несколько ферментов. ДНК-полимераза используется для удлинения комплементарной цепи ДНК. АТФ-сульфурилаза превращает пирофосфат (PPi) в АТФ в присутствии аденозин-5'-фосфосульфата. Люцифераза использует АТФ для преобразования люциферина в оксिलюциферин, который представляет собой молекулу, излучающую видимый свет. Апираза разрушает некорпоративные нуклеотиды.</p>
--	--	--	--	--	---

Критерии оценки результатов тестирования

№	Тип задания	Критерии оценки	Результат оценивания
1	Задание закрытого типа на установление соответствия	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного верного ответа из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание комбинированного типа с выбором нескольких верных ответов из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
5	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если ответ совпадает с эталонным ответом по содержанию и полноте	Полное соответствие эталонному ответу – 1 балл Соответствие общей сути эталонного ответа – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов

Процент результативности	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл (отметка)	Вербальный аналог
86 % - 100 %	ПК-1 ПК-2	5	отлично
71 % - 85 %		4	хорошо
51 % - 70 %		3	удовлетворительно
0 % - 50 %		2	неудовлетворительно

Разработчик:


(подпись)

доцент Павличенко В.В.