



**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.24 ОМИКСНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

Специальность: 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

Специализация: «Биоинженерия и биоинформатика»

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

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.24 «Омиксные технологии», 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.24 «ОМИКСНЫЕ 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 (5 курс, 9 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.	<i>ИДК ПК 1.1</i> Знает основные средства анализа геномной, структурной и другой биологической информации, способен использовать основные биологические базы данных для внедрения омикс-технологий в биологию и использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	Знать: основные аппаратные и программные средства реализации омиксных технологий; преимущества и недостатки омикс-технологий; Уметь: осуществлять выбор наиболее оптимального омиксного метода в зависимости от поставленной задачи и интерпретировать полученные результаты; Владеть: навыками теоретического анализа данных, полученных с помощью постгеномных технологий	Текущий контроль: - устный опрос - рефераты Промежуточная аттестация: зачет
	<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.	Знать: принципы и методы геномики, транскриптомики, метаболомики, протеомики; основные области биологии и медицины, в которых применяются методы омиксных исследований; Уметь: устанавливать системные взаимосвязи между теоретическими основами омикс-технологий и практическими алгоритмами их реализации; Владеть: основными методами и средствами геномики, транскриптомики, мета	Текущий контроль: - устный опрос - рефераты Промежуточная аттестация: зачет

		боломики, протеомики;	
	<p><i>ИДК ПК 1.3</i></p> <p>Владет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов для решения задач профессиональной деятельности.</p>	<p>Знать: новейшие достижения в области омикс-технологий, перспективы их практического и теоретического использования;</p> <p>Уметь: осуществлять выбор наиболее оптимального омиксного метода в зависимости от поставленной задачи и интерпретировать полученные результаты.</p> <p>Владеть: навыками самостоятельной работы с литературой для поиска информации в рамках дисциплины.</p>	<p>Текущий контроль:</p> <ul style="list-style-type: none"> - устный опрос - рефераты <p>Промежуточная аттестация: зачет</p>

2. Оценочные материалы для проведения текущей аттестации

2.1. Контрольные вопросы

1. Геномные проекты и анализ геномов
2. Полиморфизм и молекулярные маркеры
3. Обратная генетика: новая научная идеология и методология.
4. Основные структурные компоненты геномов прокариот и эукариот.
5. Уровни молекулярной организации геномов
6. Геномика как наука. Цель и задачи.
7. Основы геномного полиморфизма. Гаплотипы и гаплотипирование.
8. Геномы митохондрий и хлоропластов.
9. Сателлитная ДНК, локализация, распределение, функциональная значимость
10. Мобильные элементы - IS-элементы и транспозоны
11. Вирусные ретротранспозоны и механизмы ретротранспозиции. Роль ретротранспозонов в геноме человека
12. Минимальный набор генов, фундаментальное и практическое значение.
13. Функциональная геномика. Методические подходы функциональной геномики и их применение
14. Сравнительная геномика
15. Организация некодирующей ДНК
16. Комбинаторные перестройки геномов эукариот
17. Превентивная медицина и геномный полиморфизм.
18. Фармакогеномика
19. Досимптоматическая диагностика генных болезней
20. Протеомика как часть современной системной биологии.
21. Области применения протеомного анализа
22. Современное состояние протеомики.
23. Три уровня функционирования протеома
24. Динамичность транскриптома и протеома
25. Характеристика транскриптома
26. Создание библиотеки кДНК.
27. Клонирование кДНК
28. Технология микрочипирования и гибридизации.
29. Базы данных транскриптомов
30. Скрининг геномной библиотеки с помощью гибридизационных РНК-зондов
31. Метаболиты в клетке. Метаболические реконструкции.
32. Базы данных метаболомов
33. Метаболомные исследования в медицине
34. Метаболическое профилирование
35. Метаболические пути и сети в живых организмах.
36. Базы данных геномов, мРНК и белков
37. Этика геномных исследований и проблемы генетической безопасности
38. Microarray-анализ фенотипа

Критерии оценивания ответов на контрольные вопросы:

- 1) полнота и правильность ответа;
- 2) степень осознанности, понимания изученного;
- 3) языковое оформление ответа.

Критерий	Оцениваемые компетенции	Оценка
Тема раскрыта полностью, студент полно излагает изученный материал, дает правильное определение понятий; обнаруживает понимание материала, может обосновать свои суждения, применить знания на практике, привести необхо	ПК-1	отлично

димые примеры не только по учебнику, но и самостоятельно составленные; излагает материал последовательно и правильно с точки зрения норм литературного языка.		
Ответ оценивается на «хорошо», если студент даёт ответ, удовлетворяющий тем же требованиям, что и для оценки «отлично», но допускает 1-2 ошибки, которые сам же исправляет, и 1-2 недочёта в последовательности и языковом оформлении излагаемого.		хорошо
студент обнаруживает знание и понимание основных положений темы, но при этом: излагает материал неполно и допускает неточности в определении понятий или формулировке теорий; не умеет достаточно глубоко и доказательно обосновать свои суждения и привести свои примеры; излагает материал непоследовательно и допускает ошибки в языковом оформлении излагаемого.		удовлетворительно
Тема не раскрыта, ответ не удовлетворяет требованиям положительной оценки или студент отказывается отвечать на контрольные вопросы.		неудовлетворительно

2.2 Темы рефератов

1. Взаимосвязи между молекулярной биологией, геномикой, протеомикой и метаболомикой.
2. «Омиковые» технологические платформы
3. Этногеномика. Проблема происхождения народов
4. Мутации в геномах органелл и болезни человека
5. Генодиагностика и генотерапия. Генная иммунизация
6. Генные семейства и пути образования генных семейств
7. Технологическая база протеомики.
8. Протеом и границы функционирования геномов
9. Транскриптом и методы его исследования
10. Идентификация путей модификации РНК на основе гомологии последовательностей
11. Статистические методы в метаболомике
12. Метаболические эффекты факторов окружающей среды
13. Анализ геном-транскриптом-протеом для выявления границ экспрессии генома
14. Объединение генетических и фенотипических данных (PhenomicDB).

Рекомендации по подготовке реферата

Задача реферата – закрепить знания, полученные при изучении теоретического курса, и получить навыки самостоятельного изучения источников литературы. Реферат выполняется по предложенным в рабочей программе темам, объемом 20 - 25 страниц компьютерного набора, представляемых на бумаге формата А4.

Реферат представляется на электронном носителе и должен содержать следующие разделы: титульный лист, содержание, введение, основная часть, заключение, список использованной литературы. При подготовке реферата студенты используют учебную и специальную литературу, журнальные статьи, справочники. При защите реферата необходимо показать знание литературы по изучаемой проблеме, актуальность, указать основные разделы научного реферата и сущность излагаемых положений, сделать вывод, с обозначением практической и научной значимости темы исследования. Своевременное и качественное выполнение реферата возможно лишь при планомерной самостоятельной работе и посещении консультаций, расписание которых согласовывается со студентами.

Изложенное понимание реферата как целостного авторского текста определяет критерии его оценки: новизна текста; обоснованность выбора источника; степень раскрытия сущности вопроса; соблюдения требований к оформлению.

Новизна текста: а) актуальность темы исследования; б) новизна и самостоятельность в постановке проблемы, формулирование нового аспекта известной проблемы в установлении новых связей (межпредметных, внутрипредметных, интеграционных); в) умение работать с исследованиями, критической литературой, систематизировать и структурировать материал; г) явленность авторской позиции, самостоятельность оценок и суждений; д) стилевое единство текста, единство жанровых черт.

Степень раскрытия сущности вопроса: а) соответствие плана теме реферата; б) соответствие содержания теме и плану реферата; в) полнота и глубина знаний по теме; г) обоснованность способов и методов работы с материалом; е) умение обобщать, делать выводы, сопоставлять различные точки зрения по одному вопросу (проблеме).

Обоснованность выбора источников: а) оценка использованной литературы: привлечены ли наиболее известные работы по теме исследования (в т.ч. журнальные публикации последних лет, последние статистические данные, сводки, справки и т.д.).

Соблюдение требований к оформлению: а) насколько верно оформлены ссылки на используемую литературу, список литературы; б) оценка грамотности и культуры изложения (в т.ч. орфографической, пунктуационной, стилистической культуры), владение терминологией; в) соблюдение требований к объёму реферата.

Критерии оценивания реферата:

Критерий	Оцениваемые компетенции	Оценка
Тема раскрыта полностью, проанализировано современное состояние вопроса; студент свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, хорошим научным языком. Доклад сопровождается презентацией, которая составлена с соблюдением общих требований оформления, содержит ссылки на приведенные фото, рисунки, схемы и т.д. При обсуждении студент демонстрирует понимание изучаемой проблемы и методологии научного исследования, владение профессиональной терминологией и умение грамотно отвечать на вопросы аудитории.	ПК-1	отлично
Тема раскрыта, приведено достаточное количество материала, но при этом материал в недостаточной степени проанализирован автором. Имеются недочеты в оформлении презентации или презентация не в полной степени соответствует общим требованиям. Ответы студента на вопросы не являются исчерпывающими и аргументированными.		хорошо
Тема раскрыта не полностью, материал не проанализирован, студент показывает поверхностные знания. Презентация частично соответствует установленным требованиям. При обсуждении доклада студент дает неправильные или исчерпывающие ответы.		удовлетворительно
Тема не раскрыта, приведен скудный объем материала; презентация отсутствует или не соответствует требованиям. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют вопросам.		неудовлетворительно

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

Промежуточная аттестация проходит в форме зачета (9 семестр), к которому допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу. Студенты, имеющие задолженность, должны выполнить все обязательные виды деятельности. Зачёт проводится в форме тестирования

Задания для тестирования

Компетенция	Индикаторы компетенции (Тема курса)	Задание закрытого типа на установление соответствия	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа (Выбор ответа + аргументация)	Задание открытого типа с развернутым ответом										
Вариант 1															
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 Знать основные средства анализа геномной, структурной и другой биологической информации, способен использовать основные биологические базы данных для внедрения омикс-технологий в биологию и использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	Задание 1 <i>Прочитайте текст задания и установите соответствие между омиксной технологией и типом молекул, которые она анализирует:</i> <i>К каждой позиции, данной в левом столбце (цифре), подберите соответствующую позицию из правого столбца(букву):</i> <table><tr><td>Омиксная технология</td><td>Тип молекул</td></tr><tr><td>1. Геномика</td><td>А. Белки</td></tr><tr><td>2. Транскриптомика</td><td>Б. Метаболиты</td></tr><tr><td>3. Протеомика</td><td>В. Нуклеиновые кислоты (ДНК)</td></tr><tr><td>4. Метабономика</td><td>Г. Нуклеиновые кислоты (РНК)</td></tr></table> Правильные ответы: 1-В, 2-Г, 3-А. 4-Б	Омиксная технология	Тип молекул	1. Геномика	А. Белки	2. Транскриптомика	Б. Метаболиты	3. Протеомика	В. Нуклеиновые кислоты (ДНК)	4. Метабономика	Г. Нуклеиновые кислоты (РНК)	Задание 2 <i>Прочитайте текст задания</i> расположите этапы проведения транскриптомного анализа в правильной последовательности: 1.Анализ данных и интерпретация результатов 2.Выделение РНК из образца 3.Подготовка библиотеки к секвенированию 4.Секвенирование РНК (например, RNA-Seq) 5.Обработка и нормализация данных секвенирования Правильная последовательность: 2 -> 3 -> 4 -> 5 -> 1	Задание 3 <i>Прочитайте текст, выберите правильный вариант ответа и аргументируйте свой выбор ответа:</i> Какая омиксная технология наиболее подходит для изучения изменений в экспрессии генов в ответ на воздействие лекарственного препарата? а) Геномика б) Транскриптомика в) Протеомика г) Метабономика Выберите ответ и аргументируйте свой выбор: Правильный ответ: б) Транскриптомика Аргументация: Транскриптомика изучает совокупность РНК (транскриптом), что позволяет оценить уровни экспрессии генов. Лекарственные препараты часто влияют на экспрессию генов, поэтому транскриптомика является наиболее подходящей технологией для изучения этих	Задание 4 <i>Прочитайте текст задания и запишите развернутый, обоснованный ответ:</i> Опишите, как интеграция данных геномики, транскриптомики и протеомики может способствовать более глубокому пониманию патогенеза сложного заболевания, например, рака. Приведите конкретные примеры. Эталонный ответ: Интеграция данных геномики, транскриптомики и протеомики позволяет получить комплексное представление о молекулярных механизмах, лежащих в основе развития рака. Геномика может выявить генетические мутации, предрасполагающие к раку или драйверные мутации, непосредственно участвующие в его развитии. Транскриптомика позволяет оценить, как эти мутации влияют на экспрессию генов, определяя, какие гены активируются или подавляются в раковых клетках. Протеомика, в свою очередь, позволяет изучить, как изменения в экспрессии генов отражаются на уровне белков, их модификациях и взаимодействиях. Например, при изучении рака молочной железы, геномный анализ может выявить
Омиксная технология	Тип молекул														
1. Геномика	А. Белки														
2. Транскриптомика	Б. Метаболиты														
3. Протеомика	В. Нуклеиновые кислоты (ДНК)														
4. Метабономика	Г. Нуклеиновые кислоты (РНК)														

Компетенция	Индикаторы компетенции (Тема курса)	Задание закрытого типа на установление соответствия	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа (Выбор ответа + аргументация)	Задание открытого типа с развернутым ответом									
				изменений. Геномика изучает структуру ДНК, протеомика – белки, а метаболомика – метаболиты. Хотя все эти уровни могут быть затронуты лекарственным препаратом, первичным эффектом часто является изменение экспрессии генов, отслеживаемое транскриптомикой.	мутации в гене BRCA1, транскриптомный анализ покажет изменение экспрессии генов, регулируемых BRCA1, а протеомный анализ позволит выявить изменения в белковых сигнальных путях, контролируемых этими генами. Интеграция этих данных позволяет выявить ключевые молекулярные события, приводящие к развитию рака, и определить потенциальные мишени для терапии.									
	<p><i>ИДК ПК 1.2</i></p> <p>Уметь 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 текст задания и установите соответствие между омиксной технологией и методом анализа, который она использует: К каждой позиции, данной в левом столбце (цифре), подберите соответствующую позицию из правого столбца(букву):</i></p> <table><tr><td>Омиксная технология</td><td>Метод анализа</td></tr><tr><td>1. Геномика</td><td>А. Масс-спектрометрия</td></tr><tr><td>2. Транскриптомика</td><td>Б. Секвенирование нового поколения (NGS)</td></tr><tr><td>3. Протеомика</td><td>В. Микрочипы</td></tr><tr><td>4. Метаболомика</td><td>Г. ПЦР в реальном времени (qPCR)</td></tr></table> <p>Правильные ответы: 1-Б, 2-Г, 3-А, 4-А</p>	Омиксная технология	Метод анализа	1. Геномика	А. Масс-спектрометрия	2. Транскриптомика	Б. Секвенирование нового поколения (NGS)	3. Протеомика	В. Микрочипы	4. Метаболомика	Г. ПЦР в реальном времени (qPCR)	<p>Задание 6 <i>Прочитайте текст задания и расположите этапы протеомного анализа на основе масс-спектрометрии в правильной последовательности:</i></p> <p>1.Идентификация и количественная оценка пептидов 2.Ферментативное расщепление белков на пептиды (например, трипсин) 3.Разделение пептидов (например, с помощью жидкостной хроматографии) 4.Масс-спектрометрический анализ пептидов 5.Выделение белков из образца</p> <p>Правильная последовательность: 5 -> 2 -> 3 -> 4 -> 1</p>	<p>Задание 7 <i>Прочитайте текст, выберите правильный вариант ответа и аргументируйте свой выбор ответа:</i></p> <p>Для какой цели чаще всего используют геномное секвенирование в клинической практике?</p> <p>а) Определение метаболического профиля пациента б) Выявление генетических мутаций, связанных с наследственными заболеваниями в) Измерение уровней экспрессии генов г) Идентификация белков в образце</p> <p>Выберите ответ и аргументируйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: б) Выявление генетических мутаций, связанных с наследственными заболеваниями.</p> <p>Аргументация: Геномное секвенирование позволяет определить</p>
Омиксная технология	Метод анализа													
1. Геномика	А. Масс-спектрометрия													
2. Транскриптомика	Б. Секвенирование нового поколения (NGS)													
3. Протеомика	В. Микрочипы													
4. Метаболомика	Г. ПЦР в реальном времени (qPCR)													

Компетенция	Индикаторы компетенции (Тема курса)	Задание закрытого типа на установление соответствия	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа (Выбор ответа + аргументация)	Задание открытого типа с развернутым ответом										
				последовательность ДНК пациента. Это необходимо для выявления мутаций (изменений в последовательности ДНК), которые могут быть причиной наследственных заболеваний. Остальные варианты относятся к другим омиксным технологиям: метаболомный профиль изучает метаболомика, уровни экспрессии генов – транскриптомика, идентификация белков – протеомика.	разветвленной цепью (ВСАА) или продукты окислительного стресса. Изменения в метаболическом профиле могут также указывать на развитие побочных эффектов от лечения, что позволяет своевременно скорректировать терапию.										
	<div>ИДК ПК-1.3</div> <div>Владеть навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов для решения задач профессиональной деятельности.</div>	<div>Задание 9 Прочитайте текст задания и установите соответствие между этапом исследования и омиксной технологией, которая используется на этом этапе: <i>К каждой позиции, данной в левом столбце (цифре), подберите соответствующую позицию из правого столбца(букву):</i></div> <table><tr><td>Этап исследования</td><td>Омиксная технология</td></tr><tr><td>1. Определение генетических вариантов</td><td>А. Протеомика</td></tr><tr><td>2. Измерение уровня экспрессии генов</td><td>Б. Метабономика</td></tr><tr><td>3. Идентификация и количественная оценка белков</td><td>В. Геномика</td></tr><tr><td>4. Анализ метаболичес</td><td>Г. Транскриптомика</td></tr></table>	Этап исследования	Омиксная технология	1. Определение генетических вариантов	А. Протеомика	2. Измерение уровня экспрессии генов	Б. Метабономика	3. Идентификация и количественная оценка белков	В. Геномика	4. Анализ метаболичес	Г. Транскриптомика	<div>Задание 10 Прочитайте текст задания и расположите этапы разработки биомаркера на основе омиксных данных в правильной последовательности</div> <div>1.Валидация биомаркера в независимой когорте</div> <div>2.Идентификация потенциальных биомаркеров с использованием омиксных данных</div> <div>3.Оценка клинической значимости биомаркера</div> <div>4.Статистический анализ данных для выявления дифференциально экспрессируемых молекул</div> <div>5.Подтверждение биомаркера с использованием альтернативных методов</div> <div>Правильная последовательность: 2 -> 4 -> 5 -> 1 -> 3</div>	<div>Задание 11 Прочитайте текст, выберите правильный вариант ответа и аргументируйте свой выбор:</div> <div>Какой тип данных, полученных с помощью протеомики, наиболее полезен для поиска новых лекарственных мишеней?</div> <div>а) Полная последовательность генома клетки</div> <div>б) Информация об уровнях экспрессии генов</div> <div>в) Информация о белковых взаимодействиях и посттрансляционных модификациях</div> <div>г) Данные о концентрациях метаболитов в клетке</div> <div>Выберите ответ и аргументируйте свой выбор:</div> <div>Правильный ответ:</div> <div>в) Информация о белковых взаимодействиях и посттрансляционных модификациях.</div> <div>Аргументация: Белки являются основными "рабочими лошадками"</div>	<div>Задание 12 Прочитайте текст задания и запишите развернутый, обоснованный ответ:</div> <div>Опишите основные этапы проведения транскриптомного анализа с использованием RNA-Seq. Какие факторы необходимо учитывать при проектировании эксперимента и анализе данных?</div> <div>Эталонный ответ: Транскриптомный анализ с использованием RNA-Seq включает следующие этапы:</div> <div>1.Выделение РНК: РНК выделяется из биологического образца (ткани, клетки и т.д.). Важно обеспечить высокое качество РНК и минимизировать деградацию.</div> <div>2.Подготовка библиотеки: РНК превращается в кДНК (комплементарную ДНК), фрагментируется и к ней добавляются адаптеры для секвенирования.</div> <div>3.Секвенирование: Библиотека кДНК секвенируется с использованием платформ нового поколения (NGS).</div>
Этап исследования	Омиксная технология														
1. Определение генетических вариантов	А. Протеомика														
2. Измерение уровня экспрессии генов	Б. Метабономика														
3. Идентификация и количественная оценка белков	В. Геномика														
4. Анализ метаболичес	Г. Транскриптомика														

Компетенция	Индикаторы компетенции (Тема курса)	Задание закрытого типа на установление соответствия		Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа (Выбор ответа + аргументация)	Задание открытого типа с развернутым ответом			
		ких путей			клетки и часто выступают в качестве мишеней для лекарственных препаратов. Информация о белковых взаимодействиях позволяет понять, какие белки участвуют в определенных сигнальных путях, а посттрансляционные модификации могут влиять на активность и функции белков. Геномные данные и данные об экспрессии генов (транскриптомика) важны, но информация о белках (протеомика) более непосредственно связана с разработкой лекарственных мишеней, необходимых для выявления мутаций (изменений в последовательности ДНК), которые могут быть причиной наследственных заболеваний. Остальные варианты относятся к другим омиксным технологиям: метаболомный профиль изучает метаболомика, уровни экспрессии генов – транскриптомика, идентификация белков – протеомика.	4.Обработка данных: Полученные прочтения выравниваются на референсный геном или транскриптом, подсчитывается количество прочтений для каждого гена или транскрипта. 5.Анализ данных: Проводится нормализация данных, выявление дифференциально экспрессируемых генов, анализ генной онтологии и т.д. При проектировании эксперимента необходимо учитывать размер выборки, наличие биологических и технических повторностей, а также факторы, влияющие на экспрессию генов (например, время суток, диета, лекарства). При анализе данных необходимо учитывать длину генов, общее количество прочтений в библиотеке, а также проводить коррекцию на множественное тестирование.			
		Правильные ответы: 1-В, 2-Г, 3-А, 4-Б							
		Задание 13 <i>Прочитайте текст задания и установите соответствие между методом и его применением:</i> <i>К каждой позиции, данной в левом столбце (цифре), подберите соответствующую позицию из правого столбца(букву):</i>		Задание 14 <i>Прочитайте текст задания и расположите этапы workflow геномного исследования для выявления генетических вариантов в правильной последовательности:</i> 1.Аннотация и фильтрация вариантов 2.Выравнивание прочтений на референсный геном 3.Секвенирование ДНК 4.Выделение ДНК из образца	Задание 15 <i>Прочитайте текст, выберите правильный вариант ответа и аргументируйте свой выбор:</i> Какая из следующих омиксных технологий наиболее непосредственно используется для идентификации генетических мутаций, связанных с наследственными заболеваниями? (А) Транскриптомика (Б) Протеомика (В) Геномика (Г) Метаболомика Правильный ответ: (В) Геномика Аргументация: Геномика	Задание 16 <i>Прочитайте текст задания и запишите развернутый, обоснованный ответ:</i> Опишите, как протеомика может быть использована для разработки новых лекарственных препаратов. Эталонный ответ: Протеомика может быть использована для идентификации новых лекарственных мишеней (белков, с которыми должно связываться лекарство), определения механизмов действия лекарств (как они влияют на белки и белковые сети), а также для выявления биомаркеров, которые позволяют прогнозировать ответ пациента на лечение или мониторить эффективность терапии			
		<table><tr><th>Метод</th><th>Применение</th></tr><tr><td>1. ChIP-seq</td><td>А. Редактирование генов</td></tr><tr><td>2. RNA-seq</td><td>Б. Анализ взаимодействия белков с ДНК</td></tr><tr><td>3. CRISPR-</td><td>В. Измерение уровня экспрессии</td></tr></table>	Метод				Применение	1. ChIP-seq	А. Редактирование генов
Метод	Применение								
1. ChIP-seq	А. Редактирование генов								
2. RNA-seq	Б. Анализ взаимодействия белков с ДНК								
3. CRISPR-	В. Измерение уровня экспрессии								

Компетенция	Индикаторы компетенции (Тема курса)	Задание закрытого типа на установление соответствия		Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа (Выбор ответа + аргументация)	Задание открытого типа с развернутым ответом
		Cas9	генов	5.Выявление генетических вариантов (вариантный вызов) Правильные ответы: 4 – 3 – 2 – 5 - 1	занимается изучением структуры и функций генома, включая определение генетических вариантов и мутаций. Идентификация мутаций в ДНК напрямую относится к задачам геномики. Транскриптомика изучает уровни экспрессии генов, протеомика - белки, а метаболомика - метаболиты, поэтому они менее прямо связаны с идентификацией генетических мутаций	
		4. Масс-спектрометрия	D. Идентификация и количественная оценка белков			
		Правильные ответы: 1-Б, 2- В, 3-А, 4-Г				

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 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 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 Все остальные случаи – 0 баллов

Процент результативности	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл (отметка)	Вербальный аналог
91 % - 100 %	ПК-1	5	отлично
71 % - 90 %		4	хорошо
51 % - 70 %		3	удовлетворительно
0 % - 50 %		2	неудовлетворительно

Задания для тестирования

I. Задания на установление соответствия

Задание 1

Прочитайте задание и установите соответствие между омиксной технологией и ее применением в медицине:
К каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:

Омиксная технология	Ее применение в медицине
1. Геномика	А. Выявление биомаркеров для диагностики заболеваний
2. Транскриптомика	Б. Определение генетической предрасположенности к заболеваниям
3. Протеомика	В. Изучение изменений в экспрессии генов при развитии заболеваний
4. Метаболомика	Г. Разработка персонализированных лекарственных препаратов

Запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:

1	2	3	4

Правильные ответы

1	2	3	4
Б	В	А	Г

Задание 2

Прочитайте задание и установите соответствие между понятием и его соответствием в контексте омиксных технологий:

К каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:

Понятие	Определение
1. Биомаркер	А. Полный набор белков, экспрессируемых клеткой или организмом
2. Протеом	Б. Комплексный набор метаболитов в биологическом образце
3. Метаболом	В. Измеримый индикатор биологического состояния или процесса
4. Геном	Г. Полный набор генетической информации организма

Запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:

1	2	3	4

Правильные ответы

1	2	3	4
В	А	Б	Г

Задание 3

Прочитайте задание и установите соответствие между омиксной технологией и ее основным объектом изучения:

К каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:

Омиксная технология	Объект изучения
1. Геномика	А. Белки
2. Транскриптомика	Б. РНК
3. Протеомика	В. ДНК
4. Метаболомика	Г. Метаболиты

Запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:

1	2	3	4

Правильные ответы

1	2	3	4
В	Б	А	Г

Задание 4

Прочитайте задание и установите соответствие между приложением метагеномики и его примером:

К каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:

Приложение метагеномики	Пример
1. Биомедицина	А. Улучшение здоровья почвы и производительности сельского хозяйства
2. Биотехнология	Б. Изучение микробиома кишечника человека, для диагностики и

	лечения заболеваний
3. Окружающая среда	В. Открытие новых ферментов и молекул с применением в промышленности и биотопливе
4. Сельское хозяйство	Г. Мониторинг микробного разнообразия для оценки загрязнения и восстановления окружающей среды

Запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:

1	2	3	4

Правильные ответы

1	2	3	4
Б	В	Г	А

Задание 5

Прочитайте задание и установите соответствие между типом омиксных данных и типом анализа, который можно проводить с их использованием:

К каждой позиции, данной в левом столбце, подберите соответствующую позицию из правого столбца:

Тип омиксных данных	Тип анализа
1. Геномные данные	А. Анализ метаболических путей
2. Транскриптомные данные	Б. Поиск генетических маркеров заболеваний
3. Протеомные данные	В. Анализ дифференциальной экспрессии генов
4. Метаболомные данные	Г. Анализ взаимодействий белок-белок и функциональной аннотации

Запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:

1	2	3	4

Правильные ответы

1	2	3	4
Б	В	Г	А

II. Задания на установление последовательности

Задание 6

Прочитайте текст задания и расположите этапы построения сети генных взаимодействий на основе транскриптомных данных в правильной последовательности:

1. Определение статистической значимости взаимодействий
2. Построение сети на основе корреляций экспрессии генов
3. Сбор транскриптомных данных
4. Визуализация и анализ сети
5. Расчет корреляций между уровнями экспрессии генов

Ответ

--	--	--	--	--

Правильный ответ

3	5	2	1	4
---	---	---	---	---

Задание 7

Прочитайте текст задания и расположите этапы метаболомного анализа на основе масс-спектрометрии в правильной последовательности:

1. Обработка данных и идентификация метаболитов
2. Подготовка образца (например, экстракция метаболитов)

3. Масс-спектрометрический анализ
4. Разделение метаболитов (например, с помощью газовой или жидкостной хроматографии)
5. Сбор данных и предварительная обработка

Ответ

--	--	--	--	--

Правильный ответ

2	4	3	5	1
---	---	---	---	---

Задание 8

Прочитайте текст задания и расположите этапы подготовки образца для секвенирования нового поколения в правильной последовательности:

1. Анализ данных и выравнивание на геном.
2. Подготовка библиотек (фрагментация ДНК, добавление адаптеров).
3. Увеличение количества ДНК с помощью ПЦР.
4. Секвенирование на платформе NGS.

Ответ

--	--	--	--

Правильный ответ

2	3	4	1
---	---	---	---

Задание 9

Прочитайте текст задания и расположите этапы создания генетической карты (например, с использованием SNP), в правильной последовательности:

1. Анализ сцепления и определение расстояний между маркерами.
2. Генотипирование с использованием SNP-чипов или секвенирования.
3. Сбор данных о фенотипах исследуемых организмов.
4. Статистический анализ для выявления ассоциаций между генотипами и фенотипами.

Ответ

--	--	--	--

Правильный ответ

3	2	4	1
---	---	---	---

Задание 10

Прочитайте текст задания и расположите этапы генотипирования с использованием ДНК-микрочипов в правильной последовательности:

1. Сканирование микрочипа и анализ интенсивности сигнала.
2. Подготовка ДНК (фрагментация, амплификация, мечение).
3. Гибридизация ДНК с олигонуклеотидами на микрочипе.
4. Определение генотипа на основе данных с микрочипа.

Ответ

--	--	--	--

Правильный ответ

2	3	1	4
---	---	---	---

III. Задания комбинированного типа (выбор ответа с аргументацией)

Задание 11

Внимательно прочитайте вопрос, выберите правильный ответ и обоснуйте свой выбор:

Какая омиксная технология наиболее полезна для разработки персонализированных диет на основе индивидуальных особенностей организма?

а) Геномика б) Транскриптомика в) Протеомика г) Метаболомик

Правильный ответ: г) Метаболомика

Аргументация: Метаболомика анализирует метаболиты – продукты обмена веществ в организме. Метаболический профиль отражает взаимодействие между генами, окружающей средой и диетой. Анализ метаболома позволяет оценить, как организм реагирует на различные продукты питания и разработать диету, учитывающую индивидуальные особенности метаболизма. Геномика может выявить генетическую предрасположенность к определенным заболеваниям, связанным с питанием, но метаболомика дает более непосредственную информацию о текущем метаболическом состоянии.

Задание 12

Внимательно прочитайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:

Какая омиксная технология наиболее эффективно используется для выявления биомаркеров ранней стадии рака?

а) Геномика б) Транскриптомика в) Протеомика г) Метаболомика

Правильный ответ: в) Протеомика и г) Метаболомика (оба ответа могут быть приемлемыми, в зависимости от контекста)

Аргументация:

- Протеомика: Изменения в экспрессии и модификациях белков часто происходят на ранних стадиях рака, до того, как становятся заметными изменения в геноме. Протеомика позволяет выявлять эти изменения, что делает ее полезной для обнаружения биомаркеров ранней стадии.

- Метаболомика: Метаболические изменения также могут происходить на ранних стадиях рака, отражая изменения в клеточном метаболизме. Анализ метаболома может выявить уникальные метаболические профили, связанные с ранними стадиями рака.

Геномика (а) может выявить генетические мутации, предрасполагающие к раку, но не всегда отражает ранние изменения, а транскриптомика (б) может быть полезна, но изменения в протеоме и метаболоме часто более чувствительны на ранних стадиях.

Задание 13

Внимательно прочитайте вопрос, выберите правильный ответ и обоснуйте свой выбор:

Какой метод наиболее подходит для одновременного измерения уровня экспрессии тысяч генов в ткани?

а) ПЦР в реальном времени (qPCR) б) Вестерн-блоттинг в) РНК-секвенирование (RNA-seq) г)

Иммуногистохимия

Правильный ответ: в) РНК-секвенирование (RNA-seq)

Аргументация:

- РНК-секвенирование позволяет получить количественную оценку уровня экспрессии всех транскрибируемых генов в образце, предоставляя наиболее полный профиль экспрессии.

- ПЦР в реальном времени используется для измерения экспрессии лишь нескольких конкретных генов.

- Вестерн-блоттинг предназначен для анализа экспрессии белков, а не РНК.

- Иммуногистохимия визуализирует расположение определенных белков в ткани, но не обеспечивает количественную оценку уровня экспрессии генов.

Задание 14

Внимательно прочитайте вопрос, выберите правильный ответ и обоснуйте свой выбор:

Какой омиксный подход используется для изучения всех метаболитов в биологическом образце?

а) Протеомика б) Геномика в) Липидомика г) Метаболомика

Правильный ответ: г) Метаболомика

Аргументация:

- Метаболомика занимается всесторонним анализом низкомолекулярных соединений (метаболитов) в клетках, тканях и организмах.

- Протеомика изучает все белки в образце.

- Геномика изучает геном.
- Липидомика изучает липиды.

Задание 15

Внимательно прочитайте вопрос, выберите правильный ответ и обоснуйте свой выбор:

В каком омиксном подходе используется метод триптического переваривания?

- а) Транскриптомика б) Геномика в) Протеомика г) Метабомика

Правильный ответ: в) Протеомика

Аргументация:

- Триптическое переваривание - это метод, обычно используемый в протеомике для расщепления белков на пептиды, которые затем можно анализировать с помощью масс-спектрометрии.
- Транскриптомика анализирует РНК, геномика - ДНК, а метаболомика - метаболиты, поэтому в этих подходах триптическое переваривание не используется.

IV. Задания открытого типа с развернутым ответом

Задание 16

Прочитайте вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ

Сравните преимущества и недостатки протеомного анализа на основе масс-спектрометрии с другими методами изучения белков, например, иммуноферментным анализом (ELISA) и вестерн-блоттингом.

Ответ _____

Эталонный ответ:

Протеомный анализ на основе масс-спектрометрии (МС) обладает рядом преимуществ по сравнению с ELISA и вестерн-блоттингом:

- **Преимущества:**
 - о **Высокая пропускная способность:** МС позволяет одновременно идентифицировать и количественно оценить тысячи белков.
 - о **Глобальный анализ:** МС не требует предварительного знания о белках, что позволяет выявлять новые белки и модификации.
 - о **Высокая чувствительность:** Современные масс-спектрометры обладают высокой чувствительностью, позволяющей анализировать небольшие количества образцов.
- **Недостатки:**
 - о **Высокая стоимость:** МС анализ требует дорогостоящего оборудования и квалифицированного персонала.
 - о **Сложность анализа данных:** Анализ данных МС требует специальных знаний и программного обеспечения.

ELISA и вестерн-блоттинг являются более простыми и дешевыми методами, но они позволяют анализировать только ограниченное количество белков, известных заранее. ELISA обладает высокой чувствительностью и используется для количественной оценки белков, а вестерн-блоттинг позволяет оценить размер и модификации белков.

Задание 17

Прочитайте вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ

Объясните этические аспекты использования омиксных технологий в медицине. Какие меры необходимо предпринять для защиты конфиденциальности генетической информации пациентов?

Ответ _____

Эталонный ответ:

Использование омиксных технологий в медицине поднимает ряд этических вопросов, связанных с конфиденциальностью генетической информации, возможностью генетической дискриминации и неопределенностью интерпретации генетических данных.

Для защиты конфиденциальности генетической информации пациентов необходимо:

Обеспечить анонимность данных: Генетические данные должны быть деперсонализированы и храниться отдельно от личной информации пациентов.

Ограничить доступ к данным: Доступ к генетической информации должен быть строго

контролируемым и предоставляться только авторизованным лицам.

Получать информированное согласие: Пациенты должны быть проинформированы о целях, рисках и преимуществах омиксного анализа и дать согласие на его проведение.

Разработать законодательство: Необходимо разработать законы, защищающие генетическую информацию пациентов от несанкционированного использования и дискриминации.

Кроме того, важно обеспечить правильную интерпретацию генетических данных и предоставлять пациентам консультации по вопросам генетики, чтобы они могли принимать обоснованные решения о своем здоровье.

Задание 18

Прочитайте вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ

Опишите, что такое "омиксная воронка" или интегративная омика. Почему интеграция данных из разных омиксных платформ важна для понимания сложных биологических систем?

Ответ _____

Эталонный ответ:

о Омиксная воронка (или интегративная омика) – это подход к исследованию биологических систем, который включает интеграцию данных, полученных с использованием различных омиксных технологий (геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика), для получения более полного и целостного представления о функционировании системы.

о Важность интеграции:

☐ Комплексное понимание: Биологические процессы – это результат взаимодействия генов, РНК, белков и метаболитов. Анализ отдельных омиксных данных дает лишь частичное представление о системе. Интеграция данных позволяет увидеть взаимосвязи и регуляторные сети, которые формируют фенотип.

☐ Выявление причинно-следственных связей: Интеграция данных помогает выявить, как изменения в геноме влияют на экспрессию генов, белковый состав и метаболические процессы, что позволяет понять причины возникновения заболеваний или адаптационные механизмы.

☐ Поиск биомаркеров: Интегративный анализ может выявить комбинации биомаркеров из разных омиксных уровней, которые более точно отражают состояние организма и могут быть использованы для диагностики, прогнозирования и мониторинга лечения.

☐ Персонализированная медицина: Интеграция омиксных данных пациента позволяет разработать индивидуальные стратегии профилактики и лечения, учитывая его генетические особенности, экспрессию генов и метаболический профиль.

Задание 19

Прочитайте вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ

Что такое анализ обогащения GO-терминами (Gene Ontology) и как он используется в омиксных исследованиях?

Ответ _____

Эталонный ответ:

Анализ обогащения GO-терминами – это метод, используемый для определения, какие биологические процессы, компоненты клетки или молекулярные функции статистически значимо обогащены в списке генов, полученном в результате омиксного эксперимента (например, дифференциально экспрессирующиеся гены при RNA-seq).

Принцип работы:

1. Получение списка генов: Из омиксного эксперимента получают список генов, представляющих интерес (например, гены, экспрессия которых изменяется в ответ на определенное воздействие).

2. Сопоставление с GO-терминами: Каждый ген из списка сопоставляется с GO-терминами, которые его описывают (биологический процесс, клеточный компонент, молекулярная функция).

3. Статистический анализ: Проводится статистический тест (например, тест Фишера), чтобы определить, какие GO-термины встречаются в списке генов чаще, чем ожидалось бы случайно.

4. Интерпретация: Выявляются GO-термины, которые статистически значимо обогащены в исследуемом списке генов. Это позволяет определить, какие биологические процессы, клеточные компоненты или молекулярные функции наиболее связаны с изучаемым явлением.

Применение: Анализ функциональной интерпретации результатов омиксных исследований, выявление биологических процессов, лежащих в основе наблюдаемых изменений.

Задание 20

Прочитайте вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ

Опишите, как протеомика может быть использована для разработки новых лекарственных препаратов.

Ответ _____

Эталонный ответ:

Протеомика может быть использована для идентификации новых лекарственных мишеней (белков, с которыми должно связываться лекарство), определения механизмов действия лекарств (как они влияют на белки и белковые сети), а также для выявления биомаркеров, которые позволяют прогнозировать ответ пациента на лечение или мониторить эффективность терапии

Разработчик:

(подпись)

доцент Юринова Г.В.