

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«Новосибирский национальный исследовательский государственный универси-
тет»

(Новосибирский государственный университет, НГУ)

Факультет естественных наук

УТВЕРЖДАЮ

Декан ФЕН

д.х.н. проф. В.А. Резников

« _____ » _____ 201__ г.

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

по дисциплине

КОМПЬЮТЕРНАЯ ТРАНСКРИПТОМИКА

Направление подготовки: 06.04.01 БИОЛОГИЯ, МАГИСТРАТУРА

Кафедра информационной биологии

Новосибирск 2020

Фонд оценочных средств промежуточной аттестации по дисциплине является **Приложением 2** к рабочей программе дисциплины «Компьютерная транскриптомика», реализуемой в рамках основной образовательной программы высшего профессионального образования по направлению подготовки: 06.04.01 Биология, магистратура

Фонд оценочных средств промежуточной аттестации по дисциплине утвержден решением ученого совета Факультета естественных наук № _____ от _____.

Разработчики:

к.б.н., доцент кафедры информационной биологии

Афонников Д.А.

к.б.н., ассистент кафедры информационной биологии

Землянская Е.В.

Ответственный за образовательную программу:

доцент кафедры информационной биологии,

доктор биологических наук,

Д.П. Фурман

1. Содержание и порядок проведения промежуточной аттестации по дисциплине

1.1. Общая характеристика содержания промежуточной аттестации

Промежуточная аттестация по дисциплине «Компьютерная транскриптомика» проводится по завершению периода освоения образовательной программы 1 семестра для оценки сформированности компетенций в части следующих укрупненных характеристик результатов обучения (таблица П1.1).

Таблица П1.1

Код	Компетенции, формируемые в рамках дисциплины «Компьютерная транскриптомика»	Семестр 1
		экзамен
ОПК-3 Готовность использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач.		
	Знать задачи биоинформатики и методы их решения, уметь демонстрировать ответственность за качество выполненной работы и достоверность результатов	+
ОПК-5 Способность применять знание истории и методологии биологических наук для решения фундаментальных профессиональных задач		
	Знать что такое экспрессия генов и экспериментальные методы ее определения, основные алгоритмы и программы определения уровней экспрессии генов, методы анализа данных по итогам оценки экспрессии генов и аннотации дифференциально экспрессирующихся генов, алгоритмы и программы сборки транскриптома <i>de novo</i> , Уметь решать различные задачи (учебные или возникающие в процессе исследовательской работы) с использованием базовых знаний по истории и методологии биологических дисциплин, для решения фундаментальных профессиональных задач	+
ОПК-7 Готовность творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач		
	Знать методологию, конкретные методы и приемы научно-исследовательской работы с использованием современных компьютерных технологий, необходимые для освоения дисциплин профессионального цикла, уметь применять алгоритмы и программы для анализа экспрессионных данных, для полученных результатов проводить статистическую обработку, анализировать и интерпретировать полученные результаты	+

ПК-1 Способность творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры		
	Уметь проводить биологические исследования с использованием современных методов биологии (компьютерной транскриптомики), владеть навыком использования теоретические знания и экспериментальные навыки для самостоятельного планирования и проведения эксперимента, анализа и оформления полученных результатов.	+
ПК-3 Способность применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований, использовать современную аппаратуру и вычислительные комплексы (в соответствии с направленностью (профилем) программы магистратуры)		
	Знать методические основы проектирования и выполнения полевых и лабораторных биологических и экологических исследований, уметь применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований в соответствии с профилем магистерской программы	+

Компетенции оцениваются устным экзаменом, который включает в себя решения задач из всех разделов дисциплины «Компьютерная транскриптомика».

1.2. Порядок проведения аттестации по дисциплине

По дисциплине «Компьютерная транскриптомика» проводится текущая и промежуточная аттестация.

Текущая аттестация осуществляется на практических занятиях на основании защиты результатов проведенной работы по основным разделам дисциплины.

Промежуточная аттестация:

Промежуточная аттестация по дисциплине включает 2 этапа:

- 1) написание и защиту итоговой работы;
- 2) экзамен.

Результаты промежуточной аттестации в семестре определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно». Оценки «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означают успешное прохождение промежуточной аттестации.

1.3. Правила ИКИ

При прохождении курса «Компьютерная транскриптомика» студенты работают по системе ИКИ (индивидуальный кумулятивный индекс). Эта система предусматривает прохождение контрольных точек (посещение лекций, выполнение практических заданий, контрольной работы), набранные баллы суммируются, и составлена таким образом, что текущий контроль охватывает все разделы курса.

Максимальные баллы по видам учебной деятельности

1	2	3	4	5	6
Семестр	лекции	Практические занятия	Самостоятельная работа	курсовая работа	Итого
1	140	200	400	60	800

Максимальный балл вычисляется по следующей программе.

Оценка учебной деятельности студента в ходе обучения по программе курса в течение 1 семестра осуществляется в форме контрольных вопросов, задаваемых перед лекцией по пройденному материалу.

Лекции:

Оценивается посещаемость занятий. За одно посещение занятия дается 10 баллов.

Практические занятия:

Оценивается правильность выполнения заданий. Правильно выполненное задание всего практического занятия оценивается в 20 баллов.

Самостоятельная работа:

Оценивается качество усвоения материала занятий. Диапазон оценки от 0 до 40 баллов.

Промежуточная аттестация проводится в форме курсовой работы. Диапазон оценки от 0 до 60 баллов.

Максимально возможная сумма баллов за все виды учебной деятельности студента за 1 семестр по дисциплине «Анализ биологических изображений» составляет 800 баллов.

Допуск к экзамену

Допуск к экзамену осуществляется по результатам посещаемости занятий и ответам на контрольные вопросы по пройденному материалу (промежуточная аттестация) и защита курсовой работы. Для того, чтобы быть допущенным к экзамену студент должен набрать не менее 400 баллов. Допуск к экзамену в случае, если 400 баллов не набраны, решается в индивидуальном порядке с преподавателем. Преподаватель может провести дополнительную контрольную работу или устное собеседование по всему курсу.

Необходимым условием для прохождения промежуточной аттестации (допуск к экзамену) является оценка «зачтено» по результатам защиты курсовой работы. Оценка «зачтено» выставляется при условии выполнения и защиты курсовой работы в полном соответствии с предъявляемыми требованиями к ее содержанию и срокам защиты и означает, что компетенции, не вынесенные на экзамен, сформированы на пороговом, базовом или продвинутом уровне.

Итоговая оценка определяется баллами, полученными на экзамене. Результаты промежуточной аттестации в семестре определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно». Оценки «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означают успешное прохождение промежуточной аттестации.

Оценка «отлично» соответствует продвинутому уровню сформированности компетенции.

Оценка «хорошо» соответствует базовому уровню сформированности компетенции.

Оценка «удовлетворительно» соответствует пороговому уровню сформированности компетенции.

Оценка «неудовлетворительно» выставляется, если хотя бы одна компетенция не сформирована.

2. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины.

Описание критериев оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Компьютерная транскриптомика

Код компетенции	Результат обучения по дисциплине	Оценочное средство
ОПК-3	Знание задач биоинформатики и методов их решения	Экзамен
	Умение демонстрировать ответственность за качество выполненной работы и достоверность результатов	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
ОПК-5	Знание того, что такое экспрессия генов и экспериментальных методов ее определения, основных алгоритмы и программ определения уровней экспрессии генов, методов анализа данных по итогам оценки экспрессии генов и аннотации дифференциально экспрессирующихся генов, алгоритмов и программ сборки транскриптома <i>de novo</i>	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
	Умение решать различные задачи (учебные или возникающие в процессе исследовательской работы) с использованием базовых знаний по истории и методологии биологических дисциплин, для решения фундаментальных профессиональных задач	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
ОПК-7	Знание методологии, конкретных методов и приемов научно-исследовательской работы с использованием современных компьютерных технологий, необходимых для освоения дисциплин профессионального цикла	Экзамен
	Умение применять алгоритмы и программы для анализа экспрессионных данных, для полученных результатов проводить статистическую обработку, анализировать и интерпретировать полученные результаты	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
	Владение современными компьютерными технологиями при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
ПК-1	Умение проводить биологические исследования с использованием современных методов биологии (компьютерной транскриптомики)	Итоговая (курсовая) работа
	Владение навыком использования теоретические знания и экспериментальные навыки для самостоятельного планирования и проведения эксперимента, анализа и оформления полученных результатов	Итоговая (курсовая) работа
ПК-3	Знание методических основ проектирования и выполнения полевых и лабораторных биологических и экологических исследований	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
	Умение применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований в соответствии с профилем магистерской программы	Итоговая (курсовая) работа

Описание шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Информационные технологии и языки программирования-1

Критерии оценивания результатов обучения	Шкала оценивания
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – корректность и адекватность выбранных методов анализа и интерпретации результатов, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – осмысленность, логичность и аргументированность изложения материала, – точность и корректность применения терминов и понятий, – полнота раскрытия темы. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – владение теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, отсутствие затруднений в объяснении процессов и явления, а также при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий, – наличие исчерпывающих ответов на дополнительные вопросы. <p>При изложении ответа на вопрос(ы) экзаменационного билета обучающийся мог допустить непринципиальные неточности.</p>	<p><i>Отлично</i></p>
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – неполнота реализации выбранных методов анализа и интерпретации результатов, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – осмысленность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – полнота раскрытия темы. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в объяснении отдельных процессов и явления, а также при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие полных ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок. 	<p><i>Хорошо</i></p>

<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – теоретический и фактический материал в слабой степени подкреплен ссылками на научную литературу и источники, – неосознанность и неосновательность выбранных методов анализа и интерпретации результатов, – частичное понимание и неполное изложение причинно-следственных связей, – осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации, – корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – фрагментарность раскрытия темы. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – теоретический и фактический материал в слабой степени подкреплен ссылками на научную литературу и источники, – частичное понимание и неполное изложение причинно-следственных связей, – самостоятельность и осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации, а также затруднений при формулировке собственных суждений, – корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие неполных и/или содержащих существенные ошибки ответов на дополнительные вопросы. 	<p><i>Удовлетворительно</i></p>
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – отсутствие теоретического и фактического материала, подкрепленного ссылками на научную литературу и источники, – отсутствие интерпретации результатов, – непонимание причинно-следственных связей, – компилятивное, неосмысленное, нелогичное и неаргументированное изложение материала, – грубые ошибки в применении терминов и понятий, – фрагментарность раскрытия темы. – неподготовленность докладов и выступлений на основе предварительного изучения литературы по темам, неучастие в коллективных обсуждениях в ходе практического (семинарского) занятия. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – фрагментарное и недостаточное представление теоретического и фактического материала, не подкрепленное ссылками на научную литературу и источники, – непонимание причинно-следственных связей, – отсутствие осмысленности, структурированности, логичности и аргументированности в изложении материала, – грубые ошибки в применении терминов и понятий, – отсутствие ответов на дополнительные вопросы. 	<p><i>Неудовлетворительно</i></p>

Перечень вопросов для экзамена.

Вопрос 1. Основные понятия транскриптомики (ген, транскрипция, трансляция, геном, транскриптом).

Вопрос 2. Последовательности ДНК, РНК, белков. Форматы представления данных.

Вопрос 3. Базы данных геномной информации (UCSC, Ensembl, NCBI).

Вопрос 5. Форматы геномных данных (FASTA, gtf, gff, bed).

- Вопрос 6. Выравнивание последовательностей. Сходство последовательностей. Гомология.
- Вопрос 7. Программа BLAST.
- Вопрос 8. Функции генов. Функциональная аннотация генов. Генная онтология.
- Вопрос 9. Генные сети.
- Вопрос 10. База данных EST. Полногеномные данные по экспрессии генов. Технология ДНК-микрочипов. Базы полногеномных данных по экспрессии генов.
- Вопрос 11. Принципы высокопроизводительного секвенирования. Платформы для высокопроизводительного секвенирования. Особенности различных платформ.
- Вопрос 12. Высокопроизводительное секвенирование транскриптома. Подготовка библиотеки кДНК. Одиночные, парные и цепь-специфичные прочтения. Разновидности высокопроизводительного секвенирования транскриптома (RNA-seq, miRNA-seq, и пр.).
- Вопрос 13. Формат данных высокопроизводительного секвенирования. Конвертация данных. Основные информационные ресурсы по транскриптомным данным.
- Вопрос 14. Ошибки секвенирования и качество прочтений. Программы и алгоритмы оценки качества прочтения. Коррекция ошибок.
- Вопрос 15. Основные задачи анализа транскриптома.
- Вопрос 16. Общее описание конвейера для обработки транскриптомных данных. Конвейерные системы (Galaxy и пр.).
- Вопрос 17. Задача картирования прочтений на геном.
Алгоритм хэширования. Программы, реализующие данный алгоритм.
- Вопрос 18. Задача картирования прочтений на геном.
Алгоритм Бэрроуза-Уилера. Программы, реализующие данный алгоритм.
- Вопрос 19. Форматы записи данных картирования (SAM/BAM).
- Вопрос 20. Особенности картирования транскриптомных последовательностей. Программы для картирования транскриптомных данных (TopHat, STAR).
- Вопрос 21. Оценка качества картирования транскриптомов.
- Вопрос 22. Покрытие (глубина секвенирования). Контроль качества секвенирования на основании аннотации генома.
- Вопрос 23. Оценка уровня экспрессии генов. Подсчет прочтений. Методы нормировки.
- Вопрос 24. Сравнение уровней экспрессии генов на уровне транскриптома. Особенности статистического анализа.
- Вопрос 25. Основные программы для анализа дифференциальной экспрессии генов. Выбор программы в зависимости от дизайна биологического эксперимента.
- Вопрос 26. Оценка вариаций изоформ генов.
- Вопрос 27. Многомерный анализ данных по экспрессии генов: кластеризация, анализ главных компонент, корреляция экспрессии генов.
- Вопрос 28. Задача сборки последовательностей de novo. Жадный алгоритм сборки контигов.
- Вопрос 29. Задача сборки последовательностей de novo. Алгоритм сборки контигов на основе постороения графа перекрытий.
- Вопрос 30. Задача сборки последовательностей de novo. Алгоритм сборки контигов на основе постороения графа де Брёйна.
- Вопрос 31. Особенности сборки транскриптомных последовательностей. Программы сборки транскриптомов (Trinity, Velvet).
- Вопрос 32. Оценка качества сборки транскриптомных данных.
- Вопрос 33. Оценка экспрессии генов по данным de novo сборки транскриптома.
- Вопрос 34. Аннотация транскриптомных последовательностей. Выравнивание на геном. Поиск гомологов, идентификация доменов.
- Вопрос 35. Аннотация транскриптомных последовательностей. Поиск открытых рамок считывания. Конвейер Trinotate.

Вопрос 36. Аннотация транскриптомных последовательностей. Анализ генных онтологий.