

Биоинформационный анализ генома

Оценочные средства, порядок их применения и критерии оценивания

Оценочные средства текущего контроля

Реферат по теме:

Порядок проведения. Каждый студент получает одну тему из списка. Докладывает тему в виде презентации. Выполненная работа оценивается в 30 баллов при правильном выполнении. При частично правильном выполнении ставится часть балла.

Требования к презентации, на основании которых происходит оценивание:

- структура (количество слайдов соответствует содержанию и продолжительности выступления (для 10-минутного выступления рекомендуется использовать не более 15 слайдов; наличие титульного слайда и слайда с выводами);
- наглядность (иллюстрации хорошего качества, с четким изображением, текст легко читается; используются средства наглядности информации (таблицы, схемы, графики и т. д.);
- содержание (презентация отражает основные этапы исследования (проблема, цель, гипотеза, ход работы, выводы, ресурсы; содержит полную, понятную информацию по теме работы; орфографическая и пунктуационная грамотность);

Защита презентации проводится перед преподавателем и студентами группы. Требования к выступлению:

- выступающий свободно владеет содержанием, ясно и грамотно излагает материал;
- выступающий свободно и корректно отвечает на вопросы и замечания аудитории;
- выступающий точно укладывается в рамки регламента (10 минут).

Устный опрос:

1. Структура генов и геномов. Отличия геномной организации про- и эукариот.

2. Базы данных генетической информации: NCBI, EMBL, DDBJ, SwissProt, PDB. Формат «genbank».
3. Секвенирование первого поколения: по Сэнгеру, по Максаму-Гилберту. «Золотой стандарт» секвенирования.
4. Секвенирование второго (следующего) поколения: пиросеквенирование (454 Life Sciences), секвенирование лигированием (SOLiD).
5. Секвенирование второго (следующего) поколения: ионное полупроводниковое (Ion Torrent Systems), секвенирование путем синтеза (Illumina).
6. Секвенирование третьего поколения: нанопоровое секвенирование (Oxford Nanopore Technologies), одномолекулярное секвенирование (Pacific Biosciences).
7. Сборка генома de novo: этапы (сборка контигов, скаффолдинг, закрытие гэпов). Оценка качества сборки.
8. Сборка генома по референсу. Выравнивание (картирование).
9. Аннотация геномной сборки: поиск ORF, предсказание функции. Автоматические системы аннотации баз данных NCBI, RAST, IMG.
10. Понятие «минимального генома». Искусственный геном.
11. Сравнительная геномика. Core- и pan-геном. Филогенетические деревья.

Порядок проведения.

Устный опрос проводится на практических занятиях. Обучающиеся отвечают на заданные преподавателем вопросы, участвуют в дискуссии. Оценивается уровень домашней подготовки по теме, способность системно и логично излагать материал, анализировать, формулировать собственную позицию, отвечать на дополнительные вопросы.

Темы 1, 5

Парное выравнивание. Виды, авторы алгоритмов, цели, значение. Глобальное выравнивание. Вторичные структуры белков, их характеристики предсказание. ПО и сервисы. Локальное выравнивание.

Алгоритм локального выравнивания. Биоинформатика. Объекты биоинформатики. Задачи, решаемые с помощью биоинформатики. Методы биоинформатики. Матрицы сравнения последовательностей. PAM, BLOSUM. Третичная структура белка. Фолдинг. Предсказание третичной структуры белка. Моделирование гомологов. Распознавание фолда.