

TRƯỜNG ĐẠI HỌC VĂN LANG  
Khoa Công nghệ ứng dụng

**ĐỀ THI, ĐÁP ÁN/RUBRIC VÀ THANG ĐIỂM**  
**THI KẾT THÚC HỌC PHẦN**  
**Học kỳ 3, năm học 2023-2024**

**I. Thông tin chung**

Tên học phần:	Tin sinh học I		
Mã học phần:	71GENE40112	Số tín chỉ:	2
Mã nhóm lớp học phần:	233_71GENE40112_01		
Hình thức thi: <b>Tự luận</b>	Thời gian làm bài:	<b>90</b>	phút
<i>Thí sinh được tham khảo tài liệu:</i>	<input checked="" type="checkbox"/> Có	<input type="checkbox"/> Không	

**II. Các yêu cầu của đề thi nhằm đáp ứng CLO**

(Phần này phải phối hợp với thông tin từ đề cương chi tiết của học phần)

- Ngành CNSH Y Dược

Ký hiệu CLO	Nội dung CLO	Hình thức đánh giá	Trọng số CLO trong thành phần đánh giá (%)	Câu hỏi thi số	Điểm số tối đa	Lấy dữ liệu đo lường mức đạt PLO/PI
(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)
<b>CLO1</b>	Áp dụng kiến thức cơ sở khoa học của hóa sinh, vi sinh, sinh học phân tử, miễn dịch, công nghệ gene... để giải quyết các vấn đề trong chẩn đoán, xét nghiệm và liệu pháp điều trị.	Tự luận	20%	1	2.5	2.1
<b>CLO2</b>	Sử dụng hiệu quả các phần mềm chuyên dụng để giải quyết các vấn đề chuyên môn.	Tự luận	20%	2	2.5	4.2
<b>CLO3</b>	Sử dụng thành thạo các phần mềm phân tích dữ liệu trong việc phân tích và đánh giá kết quả trong lĩnh vực CNSH YD.	Tự luận	20%	3	2.5	5.2

<b>CLO4</b>	Thực hiện thành thạo công nghệ giải trình tự DNA trong việc giám định gene, chẩn đoán đồng hành.	Tự luận	20%	3	3	5.3
<b>CLO5</b>	Tuân thủ các chuẩn mực đạo đức nghề nghiệp để gìn giữ sự trong sáng, thanh cao của nghề nghiệp, sự nghiệp.	Tự luận	20%	1-3	3	7.2

## - Ngành CNSH

<b>Ký hiệu CLO</b>	<b>Nội dung CLO</b>	<b>Hình thức đánh giá</b>	<b>Trọng số CLO trong thành phần đánh giá (%)</b>	<b>Câu hỏi thi số</b>	<b>Điểm số tối đa</b>	<b>Lấy dữ liệu đo lường mức đạt PLO/PI</b>
<b>(1)</b>	<b>(2)</b>	<b>(3)</b>	<b>(4)</b>	<b>(5)</b>	<b>(6)</b>	<b>(7)</b>
<b>CLO1</b>	Tổng quan tài liệu liên quan đến các vấn đề nghiên cứu và phát triển các sản phẩm Công nghệ Sinh học.	Tự luận	20%	1	2.5	3.1
<b>CLO2</b>	Triển khai các nội dung nghiên cứu dựa trên các phương pháp thực nghiệm đã xác định	Tự luận	20%	2	2.5	3.2
<b>CLO3</b>	Sử dụng hiệu quả các phần mềm tin sinh học, phân tích thống kê để giải quyết các vấn đề chuyên môn	Tự luận	20%	3	3	4.2
<b>CLO4</b>	Vận dụng hiệu quả kỹ năng tư duy (tư duy: sáng tạo, phản biện, logic, tích cực,..., tùy từng ngành thiết kế) nhằm giải quyết một cách tối ưu các vấn đề trong công việc	Tự luận	20%	4	3	4.6
<b>CLO5</b>	Thể hiện khả năng thích nghi với môi	Tự luận	20%	1-4	2.5	7.1

	trường học tập và làm việc thay đổi.					
--	--------------------------------------	--	--	--	--	--

### III. Nội dung câu hỏi thi

**Yêu cầu:** Sinh viên làm bài thi tại phòng máy tính, được sử dụng mạng Internet để thực hiện bài làm.

- Upload file bài làm (word, excel, pdf...);
- Upload hình ảnh bài làm (chỉ những trường hợp vẽ biểu đồ, công thức tính toán đặc biệt).

**Câu hỏi 1:** (2.5 điểm): Cho trình tự một bacteriophage từ vi khuẩn *Helicobacter pylori* có mã NCBI là NC\_019512.1. Sử dụng ORF Finder để tìm kiếm vùng ORF (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>)

- Hãy dự đoán có bao nhiêu đoạn ORF (open reading frame) và CDS có kích thước tối thiểu 300 nucleotide trên phage này?
- Tìm kiếm chức năng gen của ORF12 và ORF16 của phage *Helicobacter*?

**Câu hỏi 2:** (2.5 điểm): Trình tự mã hóa có mã accession NCBI là BC000292

- Trình tự này có nguồn gốc từ loài sinh vật nào?
- Cho biết các vùng chức năng của protein này là gì?

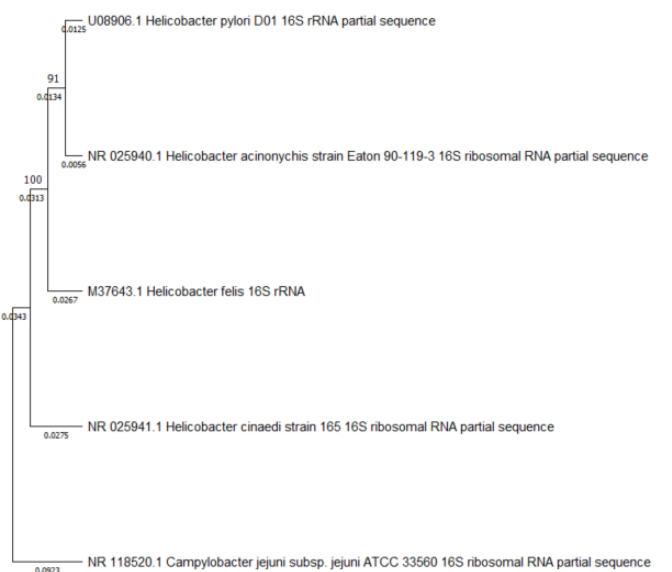
**Câu hỏi 3:** (3 điểm) Loài *Helicobacter* là vi khuẩn có khả năng xâm nhiễm và gây bệnh ở nhiều loài vật chủ khác nhau như *Helicobacter pylori* gây bệnh ở người. Hãy vẽ cây phát sinh chủng loài bằng trình tự gen 16S *rRNA* của các loài sau: *Helicobacter cinaedi* (NR\_025941), *Helicobacter pylori* (U08906), *Helicobacter acinonychis* (NR\_025940), *Helicobacter felis* (M37643), và *Campilobacter jejuni* (NR\_118520).

- Thực hiện sắp dóng cột các trình tự này và
- Biện luận mối quan hệ di truyền giữa các loài vi khuẩn *Helicobacter*
- Tính khoảng cách di truyền giữa các loài này.

**Câu hỏi 4** (2 điểm): Tìm chuỗi mRNA mã hóa cho leptin chuột (*Mus musculus leptin*). So sánh độ tương đồng trình tự mRNA của *Mus musculus leptin* và BLAST chuỗi này với bộ gen người để tìm homolog ở người. Hãy cho biết độ tương đồng với homologs người là bao nhiêu? Gen leptin nằm trên vùng nào của NST người?

## ĐÁP ÁP VÀ THANG ĐIỂM

Phân câu hỏi	Nội dung đáp án	Thang điểm	Ghi chú
<b>Tự luận</b>			
<b>Câu 1</b>	<p>Dự đoán có bao nhiêu đoạn ORF (open reading frame) có kích thước tối thiểu 300 nucleotide trên phage này?            Sử dụng ORF Finder để tìm kiếm vùng ORF (<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/</a>)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Kết quả tìm được 28 ORFs có kích thước trên 300 nucleotide (1 điểm)</li> </ul> <p>Tìm kiếm chức năng của ORF12 và ORF16 của phage <i>Helicobacter</i>?</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Thực hiện CD search (1.5 điểm) (<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/bwrpsb/bwrpsb.cgi">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/bwrpsb/bwrpsb.cgi</a>) để tìm kiếm vùng chức năng của ORF16 và ORF12:               <ul style="list-style-type: none"> <li>• ORF16: Site-specific recombinase XerD [Replication, recombination and repair];</li> <li>• ORF12: ddrB-like ParB superfamily domain; A member of the ParB/sulfiredoxin superfamily of proteins found in polyvalent proteins prototyped by the version in the phage P1 ddrB protein. These proteins are predicted to function as nucleases</li> </ul> </li> </ul>	<b>2.5 điểm</b>	
<b>Câu 2</b>	<p>Trình tự mã hóa có mã là BC000292</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Trình tự này có nguồn gốc từ loài sinh vật nào: <i>Homo sapiens</i> (1 điểm)</li> <li>- Cho biết các vùng chức năng của protein này là gì?            ASKHA_NBD_actin: Actin là một loại protein có mặt khắp nơi liên quan đến việc hình thành các sợi là thành phần chính của bộ xương tế bào (1.5 điểm)</li> </ul>	<b>2.5 điểm</b>	
<b>Câu 3 (3 điểm)</b>	<p>Loài <i>Helicobacter</i> là vi khuẩn có khả năng xâm nhiễm và gây bệnh ở nhiều loài vật chủ khác nhau như <i>Helicobacter pylori</i> gây bệnh ở người. Hãy vẽ cây phát sinh chủng loài bằng trình tự gen 16S <i>rRNA</i> của các loài sau: <i>Helicobacter cinaedi</i> (NR_025941), <i>Helicobacter pylori</i> (U08906), <i>Helicobacter acinonychis</i> (NR_025940), <i>Helicobacter felis</i> (M37643), và <i>Campilobacter jejuni</i> (NR_118520).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Thực hiện sắp dóng cột các trình tự này và</li> <li>- Biện luận mối quan hệ di truyền giữa các loài vi khuẩn <i>Helicobacter</i></li> <li>- Tính khoảng cách di truyền giữa các loài này.</li> </ul> <p><b>Đáp án:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Sắp dóng cột các trình tự sử dụng MAFFT (1 điểm).</li> </ul>	<b>3 điểm</b>	

	<p>- <i>H. pylori</i> và <i>H. acinonychis</i> có mối quan hệ gần nhau, so với <i>H. cinaedi</i> và <i>H. felis</i>. (1 điểm)</p>  <p>- Pairwise distance giữa các loài được thể hiện trên bảng ma trận khoảng cách. (1 điểm)</p> <table border="1" data-bbox="284 920 1102 1084"> <thead> <tr> <th></th> <th><i>Helicobacter_cinaedi</i></th> <th><i>Helicobacter_pylori</i></th> <th><i>Helicobacter_acinonychis</i></th> <th><i>Helicobacter_felis</i></th> <th><i>Campylobacter_jejuni</i></th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <th><i>Helicobacter_cinaedi</i></th> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <th><i>Helicobacter_pylori</i></th> <td></td> <td></td> <td>0.0108</td> <td>0.0105</td> <td>0.0040</td> </tr> <tr> <th><i>Helicobacter_acinonychis</i></th> <td></td> <td>0.0729</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <th><i>Helicobacter_felis</i></th> <td></td> <td>0.0712</td> <td>0.0168</td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <th><i>Helicobacter_cinaedi</i></th> <td>0.0801</td> <td>0.0493</td> <td></td> <td>0.0354</td> <td></td> </tr> <tr> <th><i>Campylobacter_jejuni</i></th> <td>0.1502</td> <td>0.1636</td> <td>0.1571</td> <td></td> <td></td> </tr> </tbody> </table>		<i>Helicobacter_cinaedi</i>	<i>Helicobacter_pylori</i>	<i>Helicobacter_acinonychis</i>	<i>Helicobacter_felis</i>	<i>Campylobacter_jejuni</i>	<i>Helicobacter_cinaedi</i>						<i>Helicobacter_pylori</i>			0.0108	0.0105	0.0040	<i>Helicobacter_acinonychis</i>		0.0729				<i>Helicobacter_felis</i>		0.0712	0.0168			<i>Helicobacter_cinaedi</i>	0.0801	0.0493		0.0354		<i>Campylobacter_jejuni</i>	0.1502	0.1636	0.1571				
	<i>Helicobacter_cinaedi</i>	<i>Helicobacter_pylori</i>	<i>Helicobacter_acinonychis</i>	<i>Helicobacter_felis</i>	<i>Campylobacter_jejuni</i>																																								
<i>Helicobacter_cinaedi</i>																																													
<i>Helicobacter_pylori</i>			0.0108	0.0105	0.0040																																								
<i>Helicobacter_acinonychis</i>		0.0729																																											
<i>Helicobacter_felis</i>		0.0712	0.0168																																										
<i>Helicobacter_cinaedi</i>	0.0801	0.0493		0.0354																																									
<i>Campylobacter_jejuni</i>	0.1502	0.1636	0.1571																																										
<p><b>Câu 4 (2 điểm)</b></p>	<p>Tìm chuỗi mRNA mã hóa cho leptin chuột (<i>Mus musculus</i> leptin). Chép trình tự mRNA của <i>Mus musculus</i> leptin và BLAST chuỗi này với bộ gen người để tìm homolog ở người. Hãy cho biết độ tương đồng với homologs người là bao nhiêu? Gen leptin nằm trên vùng nào của NST người?</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Độ tương đồng với leptin người là 86.9%. (1 điểm)</li> <li>- Gen leptin nằm trên NST số 7, hg38 chr7:128,241,278-128,257,629. Chiều dài 16,352 bp. (0.5 điểm)</li> <li>- Biểu hiện gen leptin ở Adipose – Subcutaneous là nhiều nhất. (0.5 điểm)</li> </ul>	<p><b>2 điểm</b></p>																																											
<p style="text-align: center;"><b>Điểm tổng</b></p>		<p style="text-align: center;"><b>10.0</b></p>																																											

Người duyệt đề

TS. Vũ Thị Quyền

TP. Hồ Chí Minh, ngày ..... tháng ..... năm 2024

Giảng viên ra đề

TS. Bùi Hoàng Phúc

