

МИНОБРНАУКИ РОССИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«ВОРОНЕЖСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ИНЖЕНЕРНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ»

УТВЕРЖДАЮ
И.о. проректора по учебной работе

_____ Василенко В.Н.
(подпись) (Ф.И.О.)

«30» мая 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА
ДИСЦИПЛИНЫ

Введение в биотехнологию и биоинженерию

Направление подготовки

06.03.01 Биология

Направленность (профиль)

Пищевая микробиология

Квалификация выпускника

бакалавр

Воронеж

1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины "Введение в биотехнологию и биоинженерию" является формирование компетенций обучающегося в области профессиональной деятельности и сфере профессиональной деятельности: 22 Пищевая промышленность, включая производство напитков и табака (в сфере технологий комплексной переработки мясного и молочного сырья); 40 Сквозные виды профессиональной деятельности.

Дисциплина направлена на решение задач профессиональной деятельности следующего типа: научно-исследовательский.

Программа составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.03.01 Биология.

2. Перечень планируемых результатов обучения, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ОПК-3	Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности	ИД1 _{ОПК-3} – Демонстрирует сформированные представления о современных принципах молекулярной биологии и генетики, знание основ эволюционной теории и современных направлений исследования эволюционных процессов, проявлении наследственности и изменчивости на всех уровнях организации живого, знание молекулярных основ передачи генетической информации в биообъектах, геномики, протеомики, генетики развития, использует их на практике
1	ОПК-5	Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, геномной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования	ИД1 _{ОПК-5} – Использует принципы современной биотехнологии, молекулярной биомедицины, приемы генетической инженерии, основы нанобиотехнологии, молекулярного моделирования для решения практических задач ИД2 _{ОПК-5} – Оценивает и прогнозирует перспективность объектов своей профессиональной деятельности для биотехнологических производств, анализирует практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ОПК-3} – Демонстрирует сформированные представления о современных принципах молекулярной биологии и генетики, знание основ эволюционной теории и современных направлений исследования эволюционных процессов, проявлении наследственности и изменчивости на всех уровнях организации живого, знание молекулярных	Знает: основы биоинформатики, применяемые в практике методы программирования; особенности разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; химию и физику нуклеиновых кислот и белков, молекулярные основы передачи генетической информации в биообъектах, геномики, протеомики, генетики развития, использует их на практике Умеет: получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; разрабатывать новые программы, используемые для решения задач в области

основ передачи генетической информации в биообъектах, геномики, протеомики, генетики развития, использует их на практике	биоинформатики; модифицировать известные, и создавать специализированные и общедоступные биоинформационные сайты; интерпретировать различные типы биологических данных; использовать современное научное оборудование в профессиональной области
	Владеет: навыками работы с биоинформационными ресурсами; методами разработки программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным; методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул; создание и сопровождение специализированных баз данных.
ИД1 _{ОПК-5} – Использует принципы современной биотехнологии, молекулярной биомедицины, приемы генетической инженерии, основы нанобиотехнологии, молекулярного моделирования для решения практических задач	Знает: принципы современной биотехнологии, молекулярной биомедицины, приемы генетической инженерии, основы нанобиотехнологии, молекулярного моделирования
	Умеет: применять приемы генетической инженерии и методы молекулярного моделирования для решения практических задач
	Владеет: навыками работы на современном лабораторном оборудовании
ИД2 _{ОПК-5} – Оценивает и прогнозирует перспективность объектов своей профессиональной деятельности для биотехнологических производств, анализирует практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств	Знает: перспективы объектов своей профессиональной деятельности
	Умеет: анализировать практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств
	Владеет: методами организации биотехнологических производств

3. Место дисциплины (модуля) в структуре ОП ВО

Дисциплина относится к обязательной части «Дисциплины/модули» Блока 1 ОП. Дисциплина является обязательной к изучению.

Изучение дисциплины основано на знаниях, умениях и навыках, полученных при изучении обучающимися дисциплин: «Цитология», «Общая биология и биология человека», «Гистология», «Генетика», «Биохимия», «Ботаника», «Молекулярная биология».

Дисциплина является предшествующей для изучения дисциплин, «Физиология растений», «Теория эволюции», «Физиология человека и животных», «Биология размножения и развития», «Иммунология», «Микробиология и вирусология», практической подготовки и подготовки выпускной квалификационной работы.

4. Объем дисциплины (модуля) и виды учебной работы

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 2 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		6 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	37	37
Лекции	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Консультации текущие	0,9	0,9
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	35	35

Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	10,0	10,0
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	10,0	10,0
Домашнее задание, реферат	15,0	15,0

5 Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий

5.1 Содержание разделов дисциплины (модуля)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (указываются темы и дидактические единицы)	Трудоемкость раздела, ак.ч
1	Базы данных. Уровни структурной организации белков. Сравнение последовательностей. Методы определения пространственной структуры биополимеров.	<p>Введение. Базы данных. Интернет для биоинформатики. Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM), специализированные банки данных. Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.</p> <p>Уровни структурной организации белков. Первичная структура белка. Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов. Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой. Современные методы предсказания вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры. Метод моделирования по гомологиям. Базы данных пространственных структур биополимеров.</p> <p>Сравнение последовательностей. Анализ последовательностей нуклеотидов. Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность. Гены, регуляторные последовательности.</p> <p>Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы. Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша. Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания. Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике. Методы определения пространственной структуры биополимеров. Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей. Предсказание вторичной структуры. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Моделирование гомологов. Фолдинг и его распознавание.</p>	35
2	Предсказание функции биополимеров по последовательности. Эволюция на уровне молекул. Актуальные проблемы биоинформатики.	<p>Предсказание функции биополимеров по последовательности. Анализ гомологов и функциональные сигналы. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.). Функциональные сайты ДНК. Гены прокариот и эукариот. Сравнительные методы предсказания генов. Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК). Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов). Филогенетическое дерево. Модели эволюции. Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных.</p> <p>Актуальные проблемы биоинформатики. Аннотации генома, поиск генов, поиск сайтов репликации в геноме человека. Предсказание структуры, функции и клеточной локализации белков. Медицинская и хемоинформатика.</p>	36
		<i>Консультации текущие</i>	0,9
		<i>Вид аттестации (зачет)</i>	0,1

5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, ак. ч	ЛР, ак. ч	СРО, ак. ч
1	Базы данных. Уровни структурной организации белков. Сравнение последовательностей. Методы определения пространственной структуры биополимеров.	10	8	17
2	Предсказание функции биополимеров по последовательности. Эволюция на уровне молекул. Актуальные проблемы биоинформатики.	8	10	18
<i>Консультации текущие</i>		0,9		
<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,1		

5.2.1 Лекции

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика лекционных занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Базы данных. Уровни структурной организации белков. Сравнение последовательностей. Методы определения пространственной структуры биополимеров.	<p>Введение. Базы данных. Интернет для биоинформатики. Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM), специализированные банки данных. Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.</p> <p>Уровни структурной организации белков. Первичная структура белка. Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов. Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой. Современные методы предсказания вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры. Метод моделирования по гомологиям. Базы данных пространственных структур биополимеров.</p> <p>Сравнение последовательностей. Анализ последовательностей нуклеотидов. Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность. Гены, регуляторные последовательности. Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы. Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша. Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания. Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике. Методы определения пространственной структуры биополимеров. Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей. Предсказание вторичной структуры. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Моделирование гомологов. Фолдинг и его распознавание.</p>	10
2	Предсказание функции биополимеров по последовательности. Эволюция на уровне молекул. Актуальные проблемы биоинформатики.	<p>Предсказание функции биополимеров по последовательности. Анализ гомологов и функциональные сигналы. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).</p> <p>Функциональные сайты ДНК. Гены прокариот и эукариот. Сравнительные методы предсказания генов. Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК). Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов). Филогенетическое дерево. Модели эволюции. Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных.</p> <p>Актуальные проблемы биоинформатики. Аннотации генома, поиск генов, поиск сайтов репликации в геноме человека. Предсказание</p>	8

	структуры, функции и клеточной локализации белков. Медицинская и хемоинформатика.	
--	---	--

5.2.2 Практические занятия (семинары) *не предусмотрены*

5.2.3 Лабораторный практикум

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Наименование лабораторных работ	Трудоемкость, ак. ч
1	Базы данных. Уровни структурной организации белков. Сравнение последовательностей. Методы определения пространственной структуры биополимеров.	Средства работы с банками данных I (Entrez). Средства работы с банками данных II (SRS). Сервис GeneBee. Основные поля записи SwissProt.	8
		Поиск гомологов (интерпретация результатов, сравнение алгоритмов, зависимость от параметров).	
		Построение выравниваний, реконструкция филогенетических деревьев (сравнение локальных и глобальных выравниваний, зависимость выравнивания от параметров, оценка статистической значимости).	
		Работа с банком пространственных структур PDB.	
2	Предсказание функции биополимеров по последовательности. Эволюция на уровне молекул. Актуальные проблемы биоинформатики.	Структуры белков (RASMOL, SwissPDBViewer). Работа с программой визуализации макромолекул RasMol I.	10
		Аннотирование последовательности (поиск белок-кодирующих областей, поиск функциональных сайтов).	
		Работа с программой визуализации макромолекул RasMol II.	
		Поиск слабых сигналов в биологических последовательностях. Интернет-ресурсы работы с полными геномами.	
	Вторичные структуры РНК. Предсказание структурных особенностей белков.		

5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудоемкость, час
1	Базы данных. Уровни структурной организации белков. Сравнение последовательностей. Методы определения пространственной структуры биополимеров.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	5
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	5
		Домашнее задание, реферат	7
	Предсказание функции биополимеров по последовательности. Эволюция на уровне молекул. Актуальные проблемы биоинформатики.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	5
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	5
		Домашнее задание, реферат	8

6 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Для освоения дисциплины обучающийся может использовать:

6.1 Основная литература

Бурова, Т. Е. Введение в профессиональную деятельность. Пищевая биотехнология : учебное пособие. — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 160 с.: <https://e.lanbook.com/book/213080>

Якупов, Т. Р. Молекулярная биотехнология. Биоинженерия : учебное пособие. — Казань : КГАВМ им. Баумана, 2018. — 157 с. <https://e.lanbook.com/book/122951>

6.2 Дополнительная литература

Куцев, М. Г. Биоинженерия растений. Основные методы : учебное пособие. — Красноярск : СФУ, 2020. — 80 с. <https://e.lanbook.com/book/181629>

Виноградов, К. А. Компьютерное моделирование в биологии и медицине : учебное пособие. — Красноярск : КрасГМУ им. проф. В.Ф. Войно-Ясенецкого, 2018. — 180 с. <https://e.lanbook.com/book/131479>

Часовских, Н. Ю. Биоинформатика : учебно-методическое пособие. — Томск : СибГМУ, 2015. — 109 с. <https://e.lanbook.com/book/105971>

6.3 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся

Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 1 — 2019. — 135 с. <https://e.lanbook.com/book/138707>

Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 2 — 2019. — 126 с. <https://e.lanbook.com/book/138708>

Практикум по молекулярной генетике и биоинженерии : учебно-методическое пособие / составители М. Ю. Сыромятников [и др.]. — Воронеж : ВГУ, 2016. — 55 с. : <https://e.lanbook.com/book/165370>

6.4 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины (модуля)

Наименование ресурса сети «Интернет»	Электронный адрес ресурса
Научная электронная библиотека	http://www.elibrary.ru/defaulttx.asp?
Образовательная платформа «Юрайт»	https://urait.ru/
ЭБС «Лань»	https://e.lanbook.com/
АИБС «МегаПро»	https://biblos.vsuet.ru/MegaPro/Web
Сайт Министерства науки и высшего образования РФ	http://minobrnauki.gov.ru
Электронная информационно-образовательная среда ФГБОУ ВО «ВГУИТ»	http://education.vsuet.ru

6.5 Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень программного обеспечения, современных профессиональных баз данных и информационных справочных систем

При изучении дисциплины используется программное обеспечение, современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы: ЭИОС университета, в том числе на базе программной платформы «Среда электронного обучения ЗКЛ», автоматизированная информационная база «Интернет-тренажеры», «Интернет-экзамен» и пр. (указать средства, необходимы для реализации дисциплины).

При освоении дисциплины используется лицензионное и открытое программное обеспечение:

Программы	Лицензии, реквизиты подтверждающего документа
Adobe Reader XI	(бесплатное ПО) https://acrobat.adobe.com/ru/ru/acrobat/pdf-reader/volume-distribution.html
Альт Образование	Лицензия № AAA.0217.00 с 21.12.2017 г. по «Бессрочно»
Microsoft Windows 8	Microsoft Open License
Microsoft Windows 8.1	Microsoft Windows Professional 8 Russian Upgrade Academic OPEN 1 License No Level#61280574 от 06.12.2012 г. https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license
Microsoft Office Professional Plus 2010	Microsoft Open License Microsoft Office Professional Plus 2010 Russian Academic OPEN 1 License No Level #48516271 от 17.05.2011 г. https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license

	Microsoft Open License Microsoft Office Professional Plus 2010 Russian Academic OPEN 1 License No Level #61181017 от 20.11.2012 г. https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license
Microsoft Office 2007 Standart	Microsoft Open License Microsoft Office 2007 Russian Academic OPEN No Level #44822753 от 17.11.2008 https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license
Libre Office 6.1	Лицензия № AAA.0217.00 с 21.12.2017 г. по «Бессрочно» (Включен в установочный пакет операционной системы Альт Образование 8.2)

Справочно-правовые системы

Программы	Лицензии, реквизиты подтверждающего документа
Справочные правовая система «Консультант Плюс»	Договор о сотрудничестве с «Информсвязь-черноземье», Региональный информационный центр общероссийской сети распространения правовой информации Консультант Плюс № 8-99/RD от 12.02.1999 г.

7. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Учебная аудитория № 403 для проведения учебных занятий.	Ноутбук, мультимедийный проектор ACER, экран. Комплекты мебели для учебного процесса. Альт Образование 8.2 [Лицензия № AAA.0217.00 г. по «Бессрочно»], Libre Office 6.1 [Лицензия № AAA.0217.00 с 21.12.2017 г. по «Бессрочно»] (Включен в установочный пакет операционной системы Альт Образование 8.2)].
Учебная аудитория № 414 для проведения учебных занятий.	Аквадистиллятор ДЭ-10М, термостат с охлаждением TCO-1/80, насос вакуумный Vacum-Sel, баня водяная UT 4329E, насос вакуумный Комовского, испаритель ротационный Heidolph Hei-VAP Value, прибор Сокслета-01 КШ 9/32, прибор Элекс-7М аналог прибора Чижовой, холодильник, ноутбук, мультимедийный, проектор ACER, экран. Альт Образование 8.2 [Лицензия № AAA.0217.00 г. по «Бессрочно»], Libre Office 6.1 [Лицензия № AAA.0217.00 с 21.12.2017 г. по «Бессрочно»] (Включен в установочный пакет операционной системы Альт Образование 8.2)].

8 Оценочные материалы для промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине (модулю)

Оценочные материалы (ОМ) для дисциплины (модуля) включают:

- перечень компетенций с указанием индикаторов достижения компетенций, этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы;
- описание шкал оценивания;
- типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков;
- методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности.

ОМ представляются отдельным комплектом и **входят в состав рабочей программы дисциплины (модуля).**

Оценочные материалы формируются в соответствии с П ВГУИТ «Положение об оценочных материалах».

ПРИЛОЖЕНИЕ
к рабочей программе

1. Организационно-методические данные дисциплины для очно-заочной или заочной форм обучения

1.1 Объемы различных форм учебной работы и виды контроля в соответствии с учебным планом

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 2 зачетных единиц

Виды учебной работы	Всего ак. ч.	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч.
		7 семестр
Общая трудоемкость дисциплины	72	72
Контактная работа в т.ч. аудиторные занятия:	12,4	12,4
Лекции	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Лабораторные занятия	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Консультации текущие	0,3	0,3
Виды аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	59,6	59,6
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	35	35
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	10,0	10,0
Домашнее задание, реферат	14,6	14,6

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

ВВЕДЕНИЕ В БИОТЕХНОЛОГИЮ И БИОИНЖЕНЕРИЮ

1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ОПК-3	Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности	ИД1 _{ОПК-3} – Демонстрирует сформированные представления о современных принципах молекулярной биологии и генетики, знание основ эволюционной теории и современных направлений исследования эволюционных процессов, проявлении наследственности и изменчивости на всех уровнях организации живого, знание молекулярных основ передачи генетической информации в биообъектах, геномики, протеомики, генетики развития, использует их на практике
1	ОПК-5	Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, геномной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования	ИД1 _{ОПК-5} – Использует принципы современной биотехнологии, молекулярной биомедицины, приемы генетической инженерии, основы нанобиотехнологии, молекулярного моделирования для решения практических задач ИД2 _{ОПК-5} – Оценивает и прогнозирует перспективность объектов своей профессиональной деятельности для биотехнологических производств, анализирует практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ОПК-3} – Демонстрирует сформированные представления о современных принципах молекулярной биологии и генетики, знание основ эволюционной теории и современных направлений исследования эволюционных процессов, проявлении наследственности и изменчивости на всех уровнях организации живого, знание молекулярных основ передачи генетической информации в биообъектах, геномики, протеомики, генетики развития, использует их на практике	Знает: основы биоинформатики, применяемые в практике методы программирования; особенности разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; химию и физику нуклеиновых кислот и белков, молекулярные основы передачи генетической информации в биообъектах, геномики, протеомики, генетики развития, использует их на практике
	Умеет: получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; разрабатывать новые программы, используемые для решения задач в области биоинформатики; модифицировать известные, и создавать специализированные и общедоступные биоинформационные сайты; интерпретировать различные типы биологических данных; использовать современное научное оборудование в профессиональной области
	Владеет: навыками работы с биоинформационными ресурсами; методами разработки программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным; методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул; создание и сопровождение специализированных баз данных.
ИД1 _{ОПК-5} – Использует принципы современной биотехнологии, молекулярной биомедицины, приемы генетической инженерии, основы нанобиотехнологии, молекулярного моделирования	Знает: принципы современной биотехнологии, молекулярной биомедицины, приемы генетической инженерии, основы нанобиотехнологии, молекулярного моделирования
	Умеет: применять приемы генетической инженерии и методы молекулярного моделирования для решения практических задач
	Владеет: навыками работы на современном лабораторном

для решения практических задач	оборудовании
ИД2 _{ОПК-5} – Оценивает и прогнозирует перспективность объектов своей профессиональной деятельности для биотехнологических производств, анализирует практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств	Знает: перспективы объектов своей профессиональной деятельности
	Умеет: анализировать практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств
	Владеет: методами организации биотехнологических производств

2 Паспорт оценочных материалов по дисциплине

№ п/п	Разделы дисциплины	Индекс контролируемой компетенции (или ее части)	Оценочные материалы		Технология/процедура оценивания (способ контроля)
			наименование	№№ заданий	
1	Базы данных. Уровни структурной организации белков. Сравнение последовательностей. Методы определения пространственной структуры биополимеров.	ОПК-3 ОПК-5	Тестовые задания (зачет)	1-5, 14-20	Бланочное или компьютерное тестирование (процентная шкала)
			Реферат	65-76, 86-92	Оценка преподавателем
			Собеседование по лабораторным работам	25,28,29	Защита практических работ
			Собеседование(зачет)	30-41, 51-55	Оценка преподавателем
2	Предсказание функции биополимеров по последовательности. Эволюция на уровне молекул. Актуальные проблемы биоинформатики.	ОПК-3 ОПК-5	Тестовые задания (зачет)	6-13, 21-24	Бланочное или компьютерное тестирование (процентная шкала)
			Реферат	77-85, 93-99	Оценка преподавателем
			Собеседование по лабораторным работам	26,27	Защита практических работ
			Собеседование (зачет)	42-50, 56-64	Оценка преподавателем

3. Оценочные материалы для промежуточной аттестации

Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы

Аттестация обучающегося по дисциплине проводится в форме тестирования и предусматривает возможность последующего собеседования (зачета).

Каждый вариант теста включает 20 контрольных заданий, из них:

- 15 контрольных заданий на проверку знаний;
- 4 контрольных задания на проверку умений;
- 1 контрольное задание на проверку навыков;

3.1. Тесты (тестовые задания)

3.1.1 Шифр и наименование компетенции

ОПК-3 Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности

№ задания	Тестовое задание с вариантами ответов и правильными ответами
1.	<p>Комплекс технологий, методов, процессов, посредством которых получают рекомбинантные РНК и ДНК, а также гены из клеток организмов, осуществляют различные манипуляции с генами и вводят их в другие организмы:</p> <ul style="list-style-type: none"> – клеточная инженерия; – генная инженерия; – клеточная селекция; – генетическая инженерия
2.	<p>Генетически однородная популяция бактерий, полученная из одной клетки, называется:</p> <ul style="list-style-type: none"> – чистой культурой; – клоном; – видом; – семейством
3.	<p>Клетки или организмы, выращенные в искусственных условиях:</p> <ul style="list-style-type: none"> – культура клеток; – клон ; – линия; – штамм
4.	<p>Метод, посредством которого были выведены микроорганизмы для получения и использования в лечебных целях инсулина, гормона роста, интерферона:</p> <ul style="list-style-type: none"> – гибридизация; – микробиологический синтез; – генная инженерия; – биомедицина
5.	<p>Какая отрасль биотехнологии занимается клонированием?</p> <ul style="list-style-type: none"> – клеточная инженерия; – генная инженерия; – биоремедиация; – бионика.
6.	<p>Что не является направлением создания новых технологий на основе культивируемых клеток и тканей растений?</p> <ul style="list-style-type: none"> – использование результатов исследования биологии растительной клетки и методов клеточной и генной инженерии для генетического изменения клетки и получения на ее основе нового растения; – получение ценных биологически активных веществ растительного происхождения в промышленных масштабах путем культивирования клеток и тканей растений; – использование культур клеток и тканей для быстрого микрклонального размножения и оздоровления растений; – возможность автоматизации и механизации технологических процессов, снижение доли ручного труда
7.	<p>Очень важной проблемой клеточной инженерии растительных организмов является:</p> <ul style="list-style-type: none"> – плазмолиз; – регенерация протопластов; – медленный рост клеток; – сложные условия культивирования клеток
8.	<p>При помощи какого метода проводится проверка на наличие ГМО?</p> <ul style="list-style-type: none"> – ДНК-электрофорез; – Секвенирование; – Полимеразная цепная реакция; – Секвенирование РНК
9.	<p>Как называется организм, из которого экстрагируют нативную ДНК?</p> <ul style="list-style-type: none"> – Донор; – Реципиент; – Акцептор;

	– Абонемент
10.	Трансгенные организмы получают путем ввода чужеродного гена в: – соматическую клетку; – яйцеклетку ; – сперматозоид; – митохондрия
11.	Первым объектом генной инженерии стала: – E.coli ; – S.cerevisae; – B.subtilis; – S.mine
12.	Рекомбинантная ДНК это: – ДНК, полученная путем встраивания в нее чужеродных полинуклеотидных фрагментов с использованием липких концов ; – ДНК гибридов первого поколения; – ДНК гибридов второго поколения; – ДНК содержащая мутацию, возникшую в результате действия химического мутагена
13.	Секвенирование ДНК – это ... – Определение нуклеотидной последовательности ; – Процесс вырезания определенных нуклеотидных последовательностей из молекул РНК и соединения последовательностей, сохраняющихся в «зрелой» молекуле, в ходе процессинга РНК; – Построение РНК по комплементарной ей ДНК; – Процесс синтеза белка из аминокислот на матрице информационной (матричной) РНК (иРНК, мРНК), осуществляемый рибосомой

3.1.2 Шифр и наименование компетенции

ОПК-5 Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, генной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования

№ задания	Тестовое задание с вариантами ответов и правильными ответами
14.	Что такое оперон? – это участок молекулы ДНК, с которым связывается РНК-полимераза; – это нуклеотидная последовательность, в которой закодировано не более одного белка; – это нуклеотидная последовательность, в которой закодировано более одного белка ; – это фермент, который постоянно синтезируется в клетке.
15.	Что такое промотор? – это участок молекулы ДНК, с которым связывается РНК-полимераза; – это участок молекулы ДНК, с которым связывается РНК-полимераза, что сопровождается инициацией транскрипции соответствующих генов ; – это нуклеотидная последовательность, в которой закодировано более одного белка; – это фермент, который постоянно синтезируется в клетке.
16.	Рекомбинантная ДНК – это: – ген, состоящий из компонентов различных генов; – новая последовательность ДНК, образованная путем лигирования двух или более негомолочных молекул ДНК ; – ген, взятый из одного организма и перенесенный в другой организм или клетку; – любая последовательность ДНК, которая детерминирует нуклеотидную последовательность зрелой т РНК, и РНК или рРНК
17.	Что такое транскрипция? – синтез белка на м-РНК; – обмен веществ в клетке; – процесс разложения сложных веществ на простые с поглощением энергии; – считывание информации с ДНК путем синтеза м-РНК .
18.	Что такое трансляция? – синтез белка на м-РНК ; – обмен веществ в клетке; – процесс разложения сложных веществ на простые с поглощением энергии;

	– считывание информации с ДНК путем синтеза м-РНК
19.	Процесс переноса генетической информации от клетки реципиента к клетке-донору с помощью фага называется: – электропорация; – трансгеноз; – трансдукция ; – редупликация
20.	Ферменты, с помощью которых получают фрагменты ДНК: – Транскриптазы; – Полимеразы; – Рестриктазы ; – Лигазы
21.	Какой признак не отражается на комплексе морфофизиологических особенностях клетки при образовании постоянной клеточной структуры? – Уменьшается размер клеток; – Падает адгезивность клеток; – Снимается зависимость от субстрата; – Снижается эффективность клонирования
22.	Каким методом не получают генетически модифицированные организмы? – Метод агробактериального переноса; – Вирусная трансформация; – Бактериальная трансформация ; – Электропорация
23.	Как называется организм, которую вживляют чужеродную ДНК? – Донор; – Реципиент ; – Акцептор; – Абонемент
24.	Какими методами получено большинство известных в настоящее время высокопродуктивных штаммов продуцентов антибиотиков? – Мутагенез и селекция ; – Мутагенез и генная инженерия; – Селекция и генная инженерия; – Генная инженерия

3.2 Вопросы для защиты лабораторных работ

3.2.1 Шифр и наименование компетенции

ОПК-3 Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности

Номер вопроса (задачи, задания)	Текст вопроса (задачи, задания)
25.	Программа визуализации макромолекул RASMOL. Программа Rasmol функционирует в режиме двух окон — графического и текстового. В графическом окне происходит визуализация структур макромолекул, в текстовое окно вводится управляющая информация, которая позволяет изменять масштаб рисунка, цвет, представление молекул, выделять группы атомов, остатков, белковых цепей. Управляющие данные вводятся в виде текстовых команд, описание которых приведено на странице помощи. На ее основе разработаны новые более функциональные средства визуализации структур.
26.	Описать основные подходы для предсказания функции белков Существует два основных подхода для предсказания функции белков. Первый подход использует тот факт, что белки, имеющие сходные последовательности аминокислот имеют схожую вторичную и третичную структуру, а, следовательно, часто имеют и сходную функцию в клетке. Если для белка с неизвестной функцией удастся найти другой белок, схожий на уровне последовательности и уже имеющий функциональную

	<p>аннотацию, то можно предположить, что и первый белок выполняет ту же задачу. Такие методы аннотации (“перенос” функции на основе сходства первичной структуры), в основном предназначены для предсказания молекулярной функции белка.</p> <p>Другой подход для предсказания функций белков использует данные сравнительной геномики, изучая такие свойства генов как встречаемость и относительное расположение в других геномах. Этот класс методов больше ориентирован на предсказание контекстной функции, поскольку позволяет группировать белки, несущие сходную функциональную нагрузку: например, ферменты, участвующие в одном метаболическом пути, или субъединицы, входящие в состав белкового комплекса.</p>
27.	<p>Вторичные структуры РНК.</p> <p>Молекулы РНК в отличие от ДНК построены из одной полинуклеотидной цепи. Однако в этой цепи (для рРНК и мРНК) имеются комплементарные друг другу участки, которые могут взаимодействовать, образуя двойные спирали. При этом соединяются водородными связями нуклеотидные пары А-У и Г-Ц. Такие спирализованные участки (их называют шпильками) обычно содержат небольшое количество нуклеотидных пар (до 20-30) и чередуются с неспирализованными участками.</p> <p>Характерную вторичную структуру имеют тРНК. Они содержат четыре спирализованных участка и три (четыре) одноцепочные петли. При изображении такой структуры на плоскости получается фигура, называемая «клеверным листом».</p> <p>Все несколько десятков разных тРНК клетки имеют общий план пространственной структуры, но различаются в деталях. В тРНК выделяют следующие структурные участки.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Акцепторный конец - во всех типах тРНК имеет состав ЦЦА. К гидроксилу 3'-ОН аденозина карбоксильной группой присоединяется аминокислота, которую данная тРНК доставляет к рибосомам, где происходит синтез белка. 2. Антикодонавая петля - содержит специфический для каждой тРНК триплет нуклеотидов (антикодоны). Антикодон комплементарен кодону мРНК. Кодон-антикодонавое взаимодействие определяет порядок чередования аминокислот в белковой молекуле при синтезе ее на рибосомах. 3. Псевдоуридиловая петля (Г,С) - участвует в связывании тРНК с рибосомой. 4. Дигидроуридиловая (D) петля необходима для связывания с ферментом аминоксил-тРНК-синтетазой, которая участвует в узнавании аминокислотой своей тРНК. 5. Добавочная петля - разная у разных тРНК

3.2.2 Шифр и наименование компетенции

ОПК-5 Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, геномной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования

Номер вопроса (задачи, задания)	Текст вопроса (задачи, задания)
28.	<p>Средства работы с базами данных I (Entrez)</p> <p>Entrez – сетевая информационно-поисковая система. Она интегрирует информацию, содержащуюся во всех базах данных NCBI. Это общий внешний интерфейс для всех баз данных, поддерживаемых NCBI, чрезвычайно удобный. В общей сложности Entrez имеет связь с 11 базами данных. NCBI разработал модель отношений разнородных данных, описывающих последовательности. Благодаря этому стало возможно бурное развитие программного обеспечения и интеграции баз данных, находящихся в ведении популярной информационно-поисковой системы Entrez; на этой же модели построена база данных GenBank.</p> <p>К преимуществам модели следует отнести возможность легкого перехода между описанием последовательностей ДНК и кодируемых ими белков, генетическими картами хромосом и пространственными структурами соответствующих белков, а также списком опубликованной литературы, содержащей относящуюся к этим объектам информацию.</p> <p>Модель данных NCBI работает непосредственно с последовательностью ДНК и последовательностью белка. Процесс трансляции представлен в виде связи между этими двумя последовательностями, а не взаимными аннотациями друг на друга. Аннотации, содержащие описание белка (например, продукты распада пептида), представлены в виде характеристик, аннотированных непосредственно на</p>

	<p>последовательности белка. Благодаря этому принципу стало очень удобно анализировать последовательности белка, полученные путём трансляции, и характеристики кодирующих последовательностей ДНК с помощью программы BLAST или любого другого средства выборки последовательностей (и притом без потери обратной связи с исходным геном). Набор, состоящий из последовательности ДНК и продуктов её трансляции, называют набором Nuc-prost</p> <p>Разработанная в NCBI модель данных описывает тип последовательности как "сегментированная последовательность". GenBank, EMBL и DDBJ представляют восстановленные сборки сегментированных последовательностей в виде непрерывно покрытых областей (НПО, или контигов). Entrez показывает такую сборку как линию, соединяющую все составляющие её последовательности.</p> <p>Контиг (от англ. contiguous – смежный, прилегающий) – это (1) набор клонированных фрагментов ДНК, непрерывно перекрывающих в известном порядке часть генома или весь геном; (2) вид физической карты, в которой маркерами являются клонированные фрагменты.</p>
29.	<p>Средства работы с базами данных II (SRS)</p> <p>Система выборки последовательностей SRS (<i>Sequence Retrieval System</i>) является сетевым браузером баз данных молекулярной биологии. Она была разработана с целью предоставления пользователям EMBnet дополнительных сервисных услуг. SRS позволяет вносить любую одноуровневую базу данных в предметный указатель любой другой базы данных.</p> <p>Преимущество этой системы состоит в том, что производные указатели могут быть быстро найдены, что позволяет операторам выбирать, связывать ссылками и получать доступ к записям во всех ресурсах, объединённых данной системой. По своему желанию пользователь SRS может легко переопределять список подключённых баз данных. Система выборки последовательностей связывает базы данных нуклеиновых кислот, ярлыков EST (<i>Expressed Sequence Tags</i>), белковых последовательностей, образцов белковых свёрток, структур белка, а также специализированные библиографические базы данных.</p> <p>Таким образом, SRS представляет собой очень мощную систему, дающую пользователям возможность формулировать запросы в базы данных различных типов через единый унифицированный интерфейс, без необходимости волноваться о внутренней структуре данных, языках запросов и т. п.</p> <p>SRS – это интегрированная система информационного поиска во многих разнородных базах данных последовательностей и передачи выбранных последовательностей аналитическими средствами, например, программ сравнения и выравнивания последовательностей.</p> <p>В общей сложности SRS может производить поиск более чем в 140 базах данных последовательностей белков и нуклеотидов, метаболических путей, пространственных структур и функций белков, геномов, описаний болезней и фенотипов. Сюда же входят небольшие базы данных, такие как базы данных структурных мотивов белков <i>Prosite</i> и <i>Blocks</i>, базы данных факторов транскрипции и специализированные базы данных некоторых патогенов.</p> <p>Помимо собственно доступа к огромному числу баз данных, SRS обеспечивает тесные связи (посредством перекрёстных ссылок) между базами данных и лёгкость в запуске приложений.</p> <p>Поиск в отдельной базе данных может быть расширен до поиска в полной сети, то есть все записи, имеющие отношение к некоторому белку, могут быть легко найдены во всех содержащих их базах данных. Программы поиска подобия и построения выравниваний могут быть запускаемы непосредственно, причем без сохранения результатов запроса в промежуточном файле.</p>

3.3 Зачет. Вопросы для зачета

3.3.1 Шифр и наименование компетенции

ОПК-3 Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности

Номер вопроса (задачи,	Текст вопроса
------------------------	---------------

задания)	
30.	<p>Уровни структурной организации белков. Первичная структура белка.</p> <p>Ответ: Белки — это основные строительные блоки всех живых организмов. Они выполняют множество функций, таких как катализ химических реакций, передача сигналов, структурная поддержка и т.д.</p> <p>Первичная структура белка определяет последовательность аминокислот в полипептидной цепи. Существует 20 различных аминокислот, и их последовательность определяет функцию и структуру белка.</p> <p>Первичная структура белка является первым шагом к его конформации и функции. Она определяет, как белок будет сворачиваться и формировать свою пространственную структуру.</p>
31.	<p>Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов.</p> <p>Ответ: а) Вторичная структура: Вторичная структура определяется пространственными аранжировками регулярных повторений аминокислот в протеиновой последовательности. Основные типы вторичной структуры — это α-спираль и β-складка. Аминокислоты спирали или складки связываются друг с другом за счет водородных связей между карбоксильными и аминогруппами в протеине. Вторичная структура может быть локализована в определенных участках протеиновой цепи или распространяться на более длинные отрезки.</p> <p>б) Третичная структура: Третичная структура — это уникальное трехмерное сворачивание протеиновой молекулы. Она определяется взаимодействиями между боковыми цепями аминокислот и стабилизируется различными химическими связями, такими как гидрофобные взаимодействия, водородные связи, электростатические взаимодействия и дисульфидные связи. Третичная структура содержит информацию о положении всех атомов в пространстве и определяет функциональные свойства протеина.</p> <p>в) четвертичная структура: Четвертичная структура образуется, когда две или более полипептидные цепи связываются друг с другом для образования многоподъемных комплексов. Она может быть образована одним типом полипептидной цепи (гомодимер) или различными типами полипептидных цепей (гетеродимер). Четвертичная структура стабилизируется водородными связями, гидрофобными взаимодействиями, и другими химическими связями между цепями протеина. Четвертичная структура также определяет функциональное поведение протеина.</p>
32.	<p>Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой.</p> <p>Ответ: Мотивы — это короткие последовательности аминокислот, обладающие определенной структурой и функцией. Они могут присутствовать в различных белках и выполнять одну и ту же функцию. Например, мотивом может быть способность связываться с определенной молекулой или играть роль катализатора химической реакции. Поскольку мотивы часто встречаются в разных белках, они облегчают процесс определения и классификации новых белков.</p> <p>Домены — это структурные блоки, состоящие из одного или нескольких мотивов, которые выполняют определенные функции. Они могут быть областями, связанными со связыванием субстрата, катализом, регуляцией и т. д.</p> <p>Связь между функциями белков и их структурой заключается в том, что структура белка определяет его функцию. Конкретная структура белка обеспечивает ему способность выполнять определенные функции, такие как связывание лигандов, каталитическая активность или участие в сигнальных путях. Например, структура активного сайта фермента определяет его способность к катализу химической реакции</p>
33.	<p>Современные методы предсказания. вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры. Метод моделирования по гомологиям.</p> <p>Ответ: Метод моделирования по гомологиям - один из современных методов предсказания вторичной и третичной структур белков на основе первичной структуры. Он основан на предположении, что белки с похожими последовательностями аминокислот обладают схожей структурой и функцией.</p> <p>Этот метод работает следующим образом:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Находят белки, структуры которых уже известны и которые являются гомологами (похожими) исследуемого белка. Гомологичные белки имеют сходство в последовательностях аминокислот. 2. С помощью компьютерных алгоритмов и программ проводится выравнивание (сопоставление) последовательностей исследуемого белка и гомологичных белков. Это позволяет определить соответствие между аминокислотами и предполагаемыми структурными элементами. 3. Исходя из найденного соответствия, строят модель вторичной и третичной

	<p>структуры исследуемого белка. Модель может быть представлена в виде трехмерной структуры белка.</p> <p>4. Предсказанная структура белка может быть подвергнута проверке и валидации, используя различные экспериментальные методы, такие как рентгеноструктурный анализ</p>
34.	<p>Базы данных пространственных структур биополимеров.</p> <p>Ответ: Базы данных пространственных структур биополимеров содержат трехмерные модели молекул белков и нуклеиновых кислот, которые важны для функционирования всех живых организмов. Эти данные включают подробную информацию о структуре, составе и свойствах молекул биополимеров, а также их взаимодействия друг с другом.</p> <p>Эти базы данных используются учеными в различных областях, таких как биология, медицина, фармакология и биохимия. Они помогают исследователям лучше понять структуру и функции биополимеров, что важно для разработки новых лекарств, вакцин, диагностических методов и понимания механизмов заболеваний.</p> <p>Некоторые из наиболее известных баз данных включают:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Protein Data Bank (PDB) - содержит трехмерные структуры белков, полученные с помощью рентгеновской кристаллографии, ЯМР-спектроскопии и других методов. 2. Nucleic Acid Database (NDB) - хранит данные о структуре нуклеиновых
35.	<p>Сравнение последовательностей. Анализ последовательностей нуклеотидов</p> <p>Ответ: Сравнение последовательностей нуклеотидов включает в себя сопоставление двух или более последовательностей ДНК или РНК, чтобы определить их степень сходства или различия.</p> <p>Анализ последовательностей нуклеотидов может использоваться для различных целей, включая:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Поиск гомологии: путём сравнения последовательностей нуклеотидов можно определить, насколько схожи две или более последовательности. Это может быть полезно для определения степени родства между организмами или для нахождения гены, которые выполняют одну и ту же функцию в разных организмах. 2. Идентификация мутаций: путём сравнения последовательностей нуклеотидов можно выявить мутации, которые могут быть связаны с патологическими состояниями, такими как рак или генетические заболевания. 3. Установление эволюционных отношений: путём сравнения последовательностей нуклеотидов можно изучать эволюционные отношения между различными организмами. Это позволяет исследователям узнать, как организмы развивались и какие мутации происходили в течение времени.
36.	<p>Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность.</p> <p>Ответ: Молекула ДНК состоит из двух нитей, закрученных вокруг друг друга в форме спирали. Каждая нить состоит из последовательности нуклеотидов, которые соединяются друг с другом с помощью водородных связей. Нити комплементарны, то есть они подходят друг к другу, как ключ к замку. Это означает, что определенные нуклеотиды на одной нити связываются с соответствующими нуклеотидами на другой нити. Это обеспечивает стабильность двойной спирали и позволяет ДНК сохранять свою структуру и функцию.</p> <p>Упаковка ДНК происходит в ядре клетки, где она находится в хромосомах.</p>
37.	<p>Гены, регуляторные последовательности.</p> <p>Ответ: Гены - это последовательности ДНК, которые кодируют информацию о белках или РНК. Они могут быть регуляторными, то есть содержать информацию о том, как и когда они должны быть выражены. Регуляторные последовательности (регуляторные элементы) - это участки ДНК, которые контролируют экспрессию генов, включая их активацию, репрессию или изменение уровня экспрессии.</p> <p>Регуляторные последовательности могут находиться как внутри, так и снаружи гена и могут взаимодействовать с различными белками, изменяя их активность или связывание с ДНК. Они также могут регулировать экспрессию генов на уровне транскрипции, трансляции или посттрансляционных модификаций.</p> <p>Одним из примеров регуляторной последовательности является промотор - участок ДНК, который распознается РНК-полимеразой и служит для начала транскрипции гена. Другие регуляторные элементы включают энхансеры, связывающиеся с факторами транскрипции для усиления экспрессии генов; сайленсеры, подавляющие экспрессию генов путем блокирования доступа РНК-полимераз к промотору; и инсуляторы, которые предотвращают взаимодействие энхансеров и сайленсеров с окружающими генами.</p>
38.	<p>Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы.</p> <p>Ответ: Математические основы выравнивания последовательностей символов являются</p>

	<p>основой для анализа биологических последовательностей, таких как последовательности ДНК, РНК и белков. Одним из наиболее распространенных методов выравнивания является алгоритм Динамического Программирования (Dynamic Programming), который позволяет найти оптимальное выравнивание двух последовательностей.</p> <p>Матрицы аминокислотных замен используются для оценки вероятности замены одной аминокислоты другой во время эволюции. Эти матрицы содержат значения, которые отражают степень заменяемости различных аминокислот.</p> <p>Парное выравнивание (Pairwise Alignment) является процессом выравнивания двух последовательностей символов, чтобы найти наиболее похожие области в этих последовательностях. Оценка парного выравнивания основана на сравнении сходства символов в выравнивании и весах замен.</p> <p>Множественное выравнивание (Multiple Sequence Alignment) является расширением парного выравнивания и позволяет выравнивать более двух последовательностей символов. Цель множественного выравнивания - найти общие области сходства между всеми последовательностями.</p> <p>Вычислительные ресурсы, такие как время и память, играют важную роль в алгоритмах выравнивания, особенно при работе с большими наборами данных. Некоторые методы выравнивания могут быть вычислительно сложными и требовать больших ресурсов, поэтому необходимо учитывать доступные вычислительные мощности при выборе метода выравнивания.</p>
39.	<p>Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша.</p> <p>Ответ: Алгоритм Нидельмана-Вунша (NVA) является одним из основных алгоритмов для глобального выравнивания двух последовательностей. Он был предложен в 1970-х годах и до сих пор широко используется в биоинформатике.</p> <p>Основная идея NVA заключается в том, что выравнивание последовательностей может быть представлено как процесс "наполнения" матрицы, где каждый элемент матрицы представляет собой возможную вставку или удаление символа. Затем алгоритм находит оптимальный путь через эту матрицу, который минимизирует общую сумму вставляемых и удаляемых символов.</p> <p>Алгоритм работает путем заполнения матрицы сверху вниз и слева направо, начиная с элемента, соответствующего началу первой последовательности. Каждый элемент матрицы содержит информацию о минимальном расходе, необходимом для достижения этого элемента, и о символе, который был вставлен или удален на предыдущем шаге.</p> <p>После того как матрица заполнена, алгоритм находит оптимальный путь через матрицу, начиная с верхнего левого угла и двигаясь вниз и вправо, пока не достигнет нижнего правого угла. Этот путь представляет собой оптимальное выравнивание двух последовательностей, минимизирующее общую сумму вставляемых и удаляемых символов.</p>
40.	<p>Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания.</p> <p>Ответ: Алгоритм Смита-Ватермана (или SMW) - это еще один популярный алгоритм для локального выравнивания двух последовательностей ДНК или белков. Он был разработан в 1981 году и используется для поиска схожих участков в двух последовательностях.</p> <p>SMW работает путем создания матрицы, в которой каждая строка представляет собой одну последовательность, а каждый столбец - другую последовательность. Затем алгоритм просматривает каждую пару символов в обеих последовательностях и вычисляет их сходство. Если сходство достаточно высокое, то символы соединяются в матрице.</p> <p>В результате работы алгоритма получается матрица, в которой соединены только те пары символов, которые имеют достаточно высокое сходство. Эта матрица может использоваться для определения схожих участков в обеих последовательностях.</p> <p>Кроме алгоритмов Нидельмана-Вунша и Смита-Ватермана, существуют и другие варианты выравнивания последовательностей, такие как алгоритм Хэмминга, алгоритм Жакоба-Мюллера-Рауса и другие. Каждый из этих алгоритмов имеет свои преимущества и недостатки, и выбор конкретного алгоритма зависит от конкретной задачи и данных, с которыми приходится работать.</p>
41.	<p>Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике.</p> <p>Ответ: Выравнивание последовательностей может давать результаты с разной статистической значимостью. Чем больше сходства между двумя последовательностями, тем более значимым будет результат выравнивания. Для оценки статистической значимости выравниваний используются различные методы, такие как <i>r</i>-значения и информационные критерии, такие как Akaike Information Criterion (AIC) и Bayesian Information Criterion (BIC).</p> <p>Зависимость выравнивания от параметров</p> <p>Алгоритмы выравнивания последовательностей могут иметь различные параметры, которые</p>

	<p>вливают на результаты выравнивания. Например, алгоритмы глобального выравнивания, такие как Нидельмана-Вунша, имеют параметр, называемый параметром выравнивания, который определяет, насколько точно алгоритм должен соответствовать последовательностям. Увеличение этого параметра может привести к более точному выравниванию, но также может увеличить время, необходимое для выполнения выравнивания.</p> <p>Множественное выравнивание Множественное выравнивание - это процесс, при котором несколько последовательностей выравниваются одновременно. Это может быть полезно, например, при сравнении нескольких последовательностей одного и того же гена у разных видов. Алгоритмы множественного выравнивания включают ClustalW, T-Coffee и MAFFT.</p>
42.	<p>Методы определения пространственной структуры биополимеров.</p> <p>Ответ: <i>Определение пространственной структуры биополимеров – это процесс изучения трехмерной архитектуры молекул биополимеров, таких как белки, нуклеиновые кислоты и полисахариды. Пространственная структура играет важную роль в их функционировании и взаимодействии с другими молекулами.</i></p> <p><i>Для определения пространственной структуры биополимеров используются различные методы, включающие:</i></p> <p><i>Рентгеноструктурный анализ (X-лучи): это метод, основанный на рассеянии рентгеновских лучей на атомах в биополимерной молекуле. Рентгеновская кристаллография позволяет определить точное расположение атомов в молекуле и построить трехмерную модель ее структуры.</i></p> <p><i>Ядерный магнитный резонанс (ЯМР): метод, использующий магнитные свойства ядер атомов в молекуле. ЯМР-спектроскопия позволяет изучать взаимодействие атомов, определять их расстояния и углы поворота, что помогает построить модель пространственной структуры молекулы.</i></p> <p><i>Криоэлектронная микроскопия (КЭМ): метод, основанный на использовании электронного микроскопа для изучения структуры молекулы при низких температурах. Криоэлектронная микроскопия позволяет получить трехмерные изображения биополимеров и визуализировать их структуру.</i></p> <p><i>Ультрафиолетовая и инфракрасная спектроскопия: методы, основанные на измерении поглощения и рассеяния излучения различных длин волн молекулами биополимеров. УФ- и ИК-спектроскопия позволяют изучать связи и группы функциональных групп в молекуле, что может указывать на их расположение в пространстве.</i></p>
43.	<p>Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей.</p> <p>Ответ: <i>PDB (Protein Data Bank) - это база данных трехмерных структур белков и других макромолекул. Каждая запись в этой базе данных содержит информацию о структуре молекулы, такую как координаты атомов, типы атомов и связи между ними.</i></p> <p><i>Структура записи PDB включает следующие поля:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> – Идентификатор молекулы (PDB ID) - уникальный идентификатор молекулы в базе данных. – Название молекулы - краткое описание молекулы. – Структурная формула - химическая формула молекулы. – Описание структуры - текстовое описание структуры молекулы. – Координаты атомов - координаты каждого атома в молекуле в декартовой системе координат. – Типы атомов - символы, обозначающие типы атомов (например, C для углерода, O для кислорода и т.д.). – Связи между атомами - информация о том, какие атомы связаны друг с другом. <p><i>Анализ структурных особенностей включает изучение различных свойств молекул, таких как их размеры, формы, заряды, полярности и т.д. Это может помочь понять, как молекулы взаимодействуют друг с другом, какие функции они выполняют и как они могут быть использованы в различных приложениях, таких как создание новых лекарств или материалов.</i></p>
44.	<p>Предсказание функции биополимеров по последовательности.</p> <p>Ответ: <i>Предсказание функции биополимеров (например, белков) по последовательности является важной задачей в биоинформатике и компьютерной биологии. Используя различные алгоритмы и методы машинного обучения, можно предсказывать функциональные характеристики биополимеров на основе их последовательностей.</i></p> <p><i>Для предсказания функции биополимеров проводятся следующие шаги:</i></p> <p><i>Сбор данных: сначала необходимо собрать разнообразные данные о биополимерах с известными функциями. Эти данные могут быть доступны в публичных базах данных, таких как UniProt или GenBank.</i></p> <p><i>Подготовка данных: после сбора данных необходимо их предварительно обработать. Это</i></p>

	<p>может включать удаление дублированных записей, удаление неполных или неправильных последовательностей и нормализацию данных.</p> <p>Извлечение признаков: далее, из полученных последовательностей биополимеров необходимо извлечь признаки, которые характеризуют их функцию. Это может быть сделано с помощью различных методов, таких как расчет различных статистик, анализ доменов или использование различных наборов признаков, основанных на заранее известных свойствах функции.</p> <p>Обучение модели: затем, на основе подготовленных данных и извлеченных признаков, необходимо обучить модель машинного обучения. Модели могут быть различные, например, методы классификации, регрессии или нейронные сети.</p> <p>Валидация модели: после обучения модель необходимо протестировать на независимом наборе данных, чтобы оценить ее точность и предсказательную способность. Это может быть выполнено с помощью различных метрик и подходов, таких как кросс-валидация или разделение набора данных на тренировочную и тестовую выборки.</p> <p>Применение модели: когда модель успешно валидирована, она может быть использована для предсказания функции биополимеров на новых, неизвестных данных.</p>
45.	<p>Анализ гомологов и функциональные сигналы.</p> <p>Ответ: Гомология и функциональные сигналы являются важными концепциями в биоинформатике и генетике, которые помогают понять эволюционные связи между различными генетическими последовательностями и идентифицировать функциональные элементы в геноме.</p> <p>Гомология относится к сходству или совпадению генетических последовательностей или структур между двумя или более организмами в результате общего предка. Гомологичные гены или генетические элементы имеют сходство последовательностей, структур или функций и могут выполнять схожие роли в разных организмах.</p> <p>Функциональные сигналы относятся к участкам генома, которые имеют специальные последовательности или структуры, связанные с определенными функциональными элементами, такими как промотеры, участки связывания факторов транскрипции или сайты сплайсинга. Анализ функциональных сигналов позволяет идентифицировать и аннотировать функциональные элементы в геноме, что помогает понять, как гены регулируются и экспрессируются.</p> <p>Анализ гомологов включает в себя сравнение последовательностей генов или структур, выравнивание последовательностей, построение филогенетических деревьев и прогнозирование функций на основе гомологичных генов. Этот анализ может быть основан на геномных данных, данные о мРНК или аминокислотных последовательностях.</p> <p>Анализ функциональных сигналов включает в себя поиск и распознавание специфичных последовательностей или структур в геноме с использованием алгоритмов и инструментов для распознавания мотивов. Это может включать в себя поиск консервативных последовательностей, предсказание сайтов связывания факторов транскрипции или предсказание сайтов сплайсинга.</p> <p>Комбинированный анализ гомологов и функциональных сигналов позволяет идентифицировать гомологичные гены или структуры, которые также имеют функциональное значение, и понимать, как эти функции могут быть сохранены или изменены во время эволюции. Это помогает в понимании молекулярной основы эволюции и функции генов и помогает в поиске новых генетических элементов и предсказании их функций.</p>
46.	<p>Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).</p> <p>Ответы: Лидерные пептиды — это короткие аминокислотные последовательности, которые находятся на N-конце некоторых белков. Они служат для регулирования синтеза и транспорта белка. Лидерные пептиды могут быть обработаны и удалены после синтеза белка или могут оставаться включенными в окончательную структуру.</p> <p>Трансмембранные сегменты представляют собой участки белка, которые простираются через цитоплазматическую мембрану и образуют каналы, рецепторы или транспортные системы. Они обычно состоят из гидрофобных аминокислотных остатков и имеют структуру α-спираль или β-плиток.</p> <p>Сайты модификации белков — это участки белков, которые могут быть подвержены различным посттрансляционным модификациям. Некоторые из наиболее распространенных сайтов модификации включают:</p> <ul style="list-style-type: none"> o Гликозилирование — это процесс, при котором молекула глюкозы присоединяется к другим молекулам, таким как белки, липиды или нуклеиновые кислоты. Это может изменять их функции и структуру. o Фосфорилирование — это добавление группы фосфата к молекуле, обычно через

	<p>фосфорильацию, т.е. передачу фосфорной группы с одной молекулы на другую. Это может изменять активность и функцию молекулы.</p> <ul style="list-style-type: none"> o Ацетилирование — это добавление группы уксусной кислоты (ацетила) к молекуле. Это может изменять структуру молекулы и влиять на ее активность и функцию. o Метилирование — это добавление метильной группы (-CH₃) к молекуле. Это может изменять структуру и функцию молекулы, а также влиять на ее взаимодействие с другими молекулами. o Убиквитинирование — это процесс, при котором маленькая белковая метка, называемая убиквитином, присоединяется к другой белковой молекуле. Это служит сигналом для деградации этой молекулы или для регуляции ее функции. o Суммирование — это процесс, при котором две или более молекулы присоединяются друг к другу, образуя новую молекулу. Это может изменять их функции и свойства. <p>Эти модификации могут изменять функцию и структуру белков, а также их взаимодействие с другими молекулами.</p>
47.	<p>Функциональные сайты ДНК</p> <p>Ответ: Функциональные сайты ДНК, также известные как связывающиеся места ДНК, представляют собой определенные участки ДНК, которые способны взаимодействовать с различными молекулами, такими как белки, РНК и другие сегменты ДНК. Эти сайты играют важную роль в регуляции экспрессии генов, модулируя связывание транскрипционных факторов и других молекул с ДНК.</p> <p>Функциональные сайты ДНК являются ключевыми элементами в формировании трехмерной структуры хромосом, регуляции генной активности и участием в репликации и ремонте ДНК.</p> <p>Существуют различные типы функциональных сайтов ДНК, таких как промоторы, усилители, сдвиговые сайты, сайты связывания белков, транспозоны и многие другие. Каждый тип сайта выполняет свою специфическую функцию в клетке.</p> <p>Исследование функциональных сайтов ДНК является важной областью генетики и молекулярной биологии, поскольку помогает понять, как гены регулируются и какие белки, и молекулы участвуют в этих процессах.</p>
48.	<p>Гены прокариот и эукариот.</p> <p>Ответ: Гены прокариот - это генетический материал, который находится в ДНК бактерии или археи. Они кодируют белки, которые необходимы для выживания и размножения клетки. Гены эукариот, с другой стороны, находятся в ядре клетки и организованы в хромосомы. Они также кодируют белки, но кроме того, они могут кодировать РНК и различные некодирующие RNA.</p>
49.	<p>Сравнительные методы предсказания генов.</p> <p>Ответ: Существует несколько различных методов предсказания генов в молекулярной биологии.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Аннотация генома: Этот метод основан на поиске участков ДНК или РНК, которые могут быть проинтерпретированы как гены. Он использует алгоритмы, которые анализируют особые характеристики последовательностей, такие как наличие промоторных и транскрипционных сигналов. Это один из самых основных методов предсказания генов. 2. Открытые рамки считывания (ORF): Этот метод находит потенциальные открытые рамки считывания, которые могут быть генами. Он ищет последовательности кодирующих областей, начинающиеся с промоторных и участков и заканчивающиеся стоп-кодонами. Однако он не всегда может точно определить границы генов. 3. Модельные организмы: Данный метод основан на использовании известных генетических данных, полученных из модельных организмов, для предсказания генов в других организмах. Это делается путем сравнения последовательностей ДНК или РНК и поиска гомологий или консервативных участков. 4. Генная экспрессия: Этот метод анализирует уровни экспрессии генов в клетке или организме. Он использует техники, такие как масс-спектрометрия и микрочипы ДНК, чтобы определить, какие гены активны в определенный момент времени или в определенной клеточной популяции. 5. Машинное обучение: Этот метод использует алгоритмы машинного обучения для предсказания генов. Он может использовать данные о последовательностях ДНК или РНК, а также другие биологические характеристики, чтобы обучить модель предсказывать гены на основе этих данных. <p>В целом, нет одного оптимального метода для предсказания генов, и часто используется комбинация различных методов для достижения наилучших результатов.</p>
50.	<p>Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК).</p> <p>Ответ: Поиск РНК с заданной структурой является одним из важных задач в</p>

	<p>биоинформатике. Это может быть полезно, например, для идентификации регуляторных участков мРНК или поиска конкретных типов тРНК.</p> <p>Для решения этой задачи можно использовать различные методы и алгоритмы. Один из них - метод компьютерного предсказания вторичной структуры РНК. Вторичная структура РНК определяет парные взаимодействия между нуклеотидами, образуя петли, стержни и спаривания. Существуют различные алгоритмы, такие как RNAfold или Mfold, которые позволяют предсказывать вторичную структуру РНК на основе последовательности нуклеотидов.</p> <p>После предсказания вторичной структуры РНК можно использовать дополнительные методы для поиска конкретных типов РНК с заданной структурой. Например, для поиска тРНК можно использовать специализированные базы данных, такие как tRNADB или Genomic tRNA Database, которые содержат информацию о последовательностях и структурах тРНК.</p> <p>Для поиска регуляторных участков мРНК с заданной структурой можно использовать методы, основанные на предсказании связывания белков к мРНК. Это может включать в себя использование алгоритмов машинного обучения или методов, основанных на консервативности последовательностей.</p> <p>В целом, поиск РНК с заданной структурой является сложной задачей, требующей комбинации различных методов и подходов. Однако развитие биоинформатических методов и доступность больших объемов данных позволяют эффективно решать эту задачу и получать новые знания о функциональных элементах РНК.</p>
--	--

3.3.2 Шифр и наименование компетенции

ОПК-5 Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, геной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования

Номер вопроса (задачи, задания)	Текст вопроса
51.	<p>Базы данных. Интернет для биоинформатики.</p> <p>Ответ: Базы данных играют важную роль в биоинформатике, так как они содержат большие объемы данных о геномах, белках, РНК и других биологических молекулах. Эти базы данных предоставляют исследователям доступ к информации, необходимой для проведения различных анализов и исследований.</p> <p>Некоторые из наиболее популярных баз данных в биоинформатике включают:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. GenBank: это база данных, содержащая последовательности нуклеотидов, включая геномы, мРНК и другие РНК. Она поддерживается Национальным центром биотехнологической информации (NCBI) и является одной из самых обширных баз данных в области генетики. 2. Protein Data Bank (PDB): это база данных, содержащая информацию о структурах белков. Она предоставляет доступ к трехмерным структурам белков, полученным с помощью методов рентгеноструктурного анализа и ядерного магнитного резонанса. 3. UniProt: это база данных, содержащая информацию о последовательностях белков и их функциях. Она объединяет данные из различных источников и предоставляет унифицированный доступ к информации о белках. 4. NCBI Gene: это база данных, содержащая информацию о генах и их функциях. Она предоставляет доступ к последовательностям генов, аннотациям и другой информации о геномах различных организмов. 5. Ensembl: это база данных, содержащая информацию о геномах различных организмов. Она предоставляет доступ к аннотациям геномов, последовательностям генов, вариантам и другой информации. <p>Интернет также играет важную роль в биоинформатике, так как он предоставляет доступ к различным онлайн-ресурсам и инструментам для проведения анализов и исследований. Некоторые из популярных онлайн-ресурсов включают NCBI, EMBL-EBI, UCSC Genome Browser и другие. Эти ресурсы предоставляют доступ к базам данных, инструментам анализа последовательностей, визуализации геномов и другим функциям, необходимым для работы в биоинформатике.</p>
52.	<p>Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB.</p> <p>Ответ: Существует несколько способов представления информации о</p>

	<p>последовательностях в биоинформатике. Один из самых распространенных форматов — это формат FASTA. В формате FASTA каждая последовательность представлена в виде заголовка, начинающегося с символа ">", за которым следует сама последовательность. Пример записи в формате FASTA:</p> <pre>> sequence1 ATCGATCGATCGATCG > sequence2 GCTAGCTAGCTAGCTA</pre> <p>Другой популярный формат — это формат BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Формат BLAST используется для представления результатов выравнивания последовательностей и содержит информацию о сходстве между двумя или более последовательностями.</p> <p>GenBank — это формат записи данных генетических последовательностей, который используется в базе данных GenBank. В формате GenBank каждая запись содержит информацию о гене или геноме, включая его название, описание, а также саму последовательность и другие связанные данные.</p> <p>PDB (Protein Data Bank) — это формат записи структурных данных о белках. В формате PDB каждая запись содержит информацию о трехмерной структуре белка, включая координаты атомов и другие связанные данные.</p> <p>Каждый из этих форматов имеет свои особенности и предназначен для определенных типов данных и задач в биоинформатике. Они позволяют удобно хранить, передавать и анализировать информацию о геномах, белках и других биологических молекулах</p>
53.	<p>Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM), специализированные банки данных.</p> <p>Ответ: Базы данных в биоинформатике могут быть классифицированы на автоматические, архивные и курируемые.</p> <p>Автоматические базы данных содержат информацию, которая получена автоматически из различных источников, таких как публикации, базы данных других организаций и результаты вычислительных алгоритмов. Примерами автоматических баз данных являются GenBank, EMBL и TrEMBL.</p> <p>Архивные базы данных содержат информацию, которая была предварительно отобрана и проверена на соответствие определенным критериям. Эти базы данных обычно содержат кураторскую информацию, такую как аннотации и классификации. Примерами архивных баз данных являются SwissProt и PDB.</p> <p>Курируемые базы данных содержат информацию, которая была тщательно проверена и отредактирована кураторами. Кураторы вносят изменения и обновления в базу данных, чтобы обеспечить точность и актуальность информации. Примерами курируемых баз данных являются PIR и банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP).</p> <p>Основные базы данных в биоинформатике включают GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM) и специализированные банки данных. Каждая из этих баз данных предназначена для хранения и предоставления информации о различных аспектах биологических молекул и процессов.</p>
54.	<p>Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.</p> <p>Ответ: Для поиска гомологичных последовательностей в базах данных можно использовать различные инструменты и программы, такие как BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), NCBI (National Center for Biotechnology Information), UniProt (Universal Protein Resource), Ensembl, и другие.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. BLAST - один из самых популярных инструментов для поиска гомологичных последовательностей. Он позволяет сравнивать входную последовательность с последовательностями из различных баз данных, таких как GenBank, RefSeq, DDBJ, PDB, и других. 2. NCBI - предоставляет доступ к различным базам данных, включая GenBank, RefSeq, Protein, Nucleotide, и другие. С помощью поисковых инструментов NCBI можно найти гомологичные последовательности и провести анализ их структуры и функций. 3. UniProt — это крупная база данных, содержащая информацию о белковых последовательностях. Поиск гомологичных последовательностей в UniProt позволяет найти схожие белковые структуры и провести анализ их функций. 4. Ensembl - предоставляет доступ к геномным данным различных организмов. С помощью инструментов Ensembl можно проводить поиск гомологичных геномных и белковых

	<p>последовательностей и анализировать их функции и эволюционные отношения.</p> <p>Для поиска гомологичных последовательностей следует загрузить свою целевую последовательность в выбранную базу данных или использовать ее поиском среди уже имеющихся последовательностей. После этого можно анализировать полученные результаты и проводить дальнейшие исследования.</p>
55.	<p>Предсказание вторичной структуры.</p> <p>Ответ: Предсказание вторичной структуры белков — это метод, позволяющий предсказать участки аминокислотных последовательностей белка, которые складываются в определенные типы вторичных структур, такие как α-спираль, β-складка и петля, без проведения экспериментов по определению такой структуры напрямую</p> <p>Существует несколько методов предсказания вторичной структуры белков. Одним из наиболее распространенных методов является использование алгоритмов машинного обучения, таких как нейронные сети, для анализа последовательности аминокислот и предсказания типов вторичной структуры.</p> <p>Другой метод основан на анализе статистики встречаемости аминокислот в различных участках белковых последовательностей и применении этой информации для предсказания вторичной структуры.</p> <p>Также существуют программы, использующие несколько методов, объединенные в один алгоритм для более точного предсказания. Некоторые из таких программ включают GOR (Garnier-Osguthorpe-Robson) и PSIPRED.</p> <p>Важно отметить, что предсказание вторичной структуры белков не всегда точно, особенно для белков с уникальными и нетипичными структурами, и важно использовать его в сочетании с другими методами, такими как предсказание третичной структуры, для получения более полной картины структуры белка.</p>
56.	<p>Предсказание третичной структуры белков по гомологии.</p> <p>Ответ: Предсказание третичной структуры белков по гомологии основано на том, что структура белка обычно сильно сохраняется у белков с близкими последовательностями. Это означает, что если у нас есть известная третичная структура белка, то мы можем предположить, что белки схожей последовательностью будут иметь схожую структуру.</p> <p>Для предсказания третичной структуры белков по гомологии используется метод компаративного моделирования. Сначала находят гомологичные белки с известной третичной структурой с помощью баз данных о последовательностях белков, таких как Swiss-Prot или NCBI. Затем проводится выравнивание последовательностей для определения сходства и различий между изучаемым белком и его гомологами.</p> <p>Далее, используя известные структуры гомологичных белков, проводится построение модели третичной структуры изучаемого белка. Это может включать в себя использование программного обеспечения для моделирования белков, такого как MODELLER, SWISS-MODEL, I-TASSER и другие.</p> <p>Однако, важно понимать, что предсказание третичной структуры белков по гомологии является прогностическим методом и может быть неточным, особенно если гомология между изучаемым белком и белками с известной структурой невысокая. Исследователи обычно используют такие предсказания в сочетании с экспериментальными методами, такими как рентгеноструктурный анализ или ЯМР-спектроскопия, чтобы подтвердить предсказанные модели.</p>
57.	<p>Моделирование гомологов. Фолдинг и его распознавание.</p> <p>Ответ: Моделирование гомологов — это процесс создания компьютерных моделей белков или генов, которые имеют сходство с уже известными структурами. Это позволяет ученым предсказывать функции, взаимодействие и другие свойства белков, а также понимать эволюционные взаимосвязи между различными видами.</p> <p>Фолдинг белка — это процесс, в результате которого белок принимает свою трехмерную структуру, которая определяет его функцию. Фолдинг происходит под воздействием различных факторов, таких как взаимодействие с другими белками, температура, pH и прочее.</p> <p>Распознавание фолдинга — это процесс, в результате которого белок или другая молекула способны распознавать верную 3D структуру белка или гена. Это важно, так как неправильный фолдинг может привести к дисфункции белка и возникновению различных заболеваний.</p> <p>Моделирование гомологов и распознавание фолдинга имеют большое значение для биологических и медицинских исследований, поскольку позволяют предсказывать свойства и функции белков, а также разрабатывать новые лекарства и терапии.</p>
58.	<p>Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов).</p>

	<p>Ответ: Эволюция молекул и организмов — это процесс изменения геномов молекул и последующего разнообразия организмов. Один из важных механизмов горизонтального переноса генов, который играет роль в эволюции молекул и организмов, — это передача генетической информации между организмами без прямого вертикального наследования. Горизонтальный перенос генов может происходить между организмами одного вида или разных видов и может привести к появлению новых генетических фенотипов и эволюционным изменениям.</p> <p>Ортологи и паралоги — это два термина, используемых в геномике для описания гомологичных генов. Ортологи — это гены, которые являются гомологичными и имеют общего предка в разных организмах. Они обычно выполняют одну и ту же функцию и имеют сходную последовательность аминокислот. Паралоги — это гены, которые также гомологичны и имеют общего предка, но в результате дупликации гена они приобрели новые функции или изменились. Паралоги обычно существуют в одном организме и могут выполнять разные функции.</p> <p>Деревья генов — это генетические деревья, которые показывают эволюционные связи между различными генами или молекулами в организмах. Они строятся на основе сравнения последовательностей генов или молекул и позволяют определить общего предка и отношения между разными видами. Деревья генов могут быть полезными инструментами для изучения эволюции и понимания разнообразия организмов.</p>
59.	<p>Филогенетическое дерево. Модели эволюции.</p> <p>Ответ: Филогенетическое дерево представляет собой графическое представление эволюционных отношений между различными видами или группами организмов. Оно позволяет визуализировать процесс эволюции и показывает, как разные виды разделяют общего предка.</p> <p>Существует несколько моделей эволюции, которые используются для описания процессов, приводящих к разделению и дифференциации видов:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Модель филогенеза показывает различные ветви эволюции, отражая степень родства и разнообразие видов. Она учитывает временные факторы, такие как расхождение продолжительности жизни представителей разных видов и постепенное развитие характеристик. Филогенез — это процесс образования исторического и генетического развития видов, форм и органов на основе здоровых и хронологических данных. 2. Модель кладистики или филогенетической систематики ориентирована на построение филогенетических деревьев, основываясь на общих производных признаках и их наличии у общего предка. Кладистика учитывает только наследственность (потребность учитывать только эволюционные изменения и события и игнорировать адаптивность или экологическую схожесть) 3. Модель эволюционной систематики сочетает в себе принципы филогенеза и кладистики, а также учитывает адаптивные характеристики и окружающую среду.
60.	<p>Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных.</p> <p>Ответ: Анализ популяционных данных в геномике позволяет изучать эволюцию на уровне генома. Этот анализ включает в себя сравнение генетических вариаций между разными популяциями и изучение изменений, происходящих в геноме на протяжении времени.</p> <p>Один из методов анализа популяционных данных - анализ полиморфизмов однонуклеотидных замен (SNP). SNP — это точечные мутации, которые происходят в геноме и могут быть унаследованы от предков. Анализ SNP позволяет определить частоту различных вариантов аллелей в популяции и изучить их связь с определенными фенотипическими характеристиками или заболеваниями.</p> <p>Другой метод - анализ генетического разнообразия. Он включает в себя изучение различий в генетической структуре между популяциями, таких как генетические расстояния и генетические деревья. Этот анализ позволяет определить степень разнообразия внутри популяции и между разными популяциями, а также изучить историю и механизмы эволюции.</p> <p>Анализ популяционных данных в геномике имеет широкий спектр применений, включая изучение эволюционных процессов, идентификацию генетических факторов, связанных с заболеваниями, и понимание распределения генетических вариаций в разных популяциях. Этот анализ может помочь в разработке стратегий для сохранения генетического разнообразия и предотвращения возникновения генетических заболеваний.</p>
61.	<p>Актуальные проблемы биоинформатики.</p> <p>Ответ: Актуальные проблемы биоинформатики включают:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Обработка и анализ больших объемов геномных данных. С развитием секвенирования следующего поколения (NGS) объемы геномных данных значительно возросли, что создает вызовы в обработке, хранении и анализе этих данных. 2. Разработка новых алгоритмов для анализа геномных данных. Новые методы и

	<p>алгоритмы необходимы для обработки и интерпретации геномных данных, включая секвенирование ДНК и РНК, анализ экспрессии генов и протеомики.</p> <p>3. Интеграция геномных данных с клиническими данными. Важно разрабатывать методы для интеграции геномных данных с клиническими данными, чтобы понять генетические основы заболеваний и разработать персонализированные подходы к лечению.</p> <p>4. Предсказание функции генов и вариантов. Использование биоинформатических методов для предсказания функциональных эффектов генетических вариантов и определения функций неизвестных генов является актуальной проблемой.</p> <p>5. Разработка инструментов для анализа и визуализации геномных данных. Необходимо создавать инструменты и программное обеспечение, которые позволят ученым анализировать и визуализировать геномные данные с высокой точностью и эффективностью.</p> <p>6. Этические вопросы и конфиденциальность данных. В связи с ростом использования геномных данных в медицине, важно разрабатывать строгие протоколы для защиты конфиденциальности пациентов и этического использования генетической информации.</p> <p>7. Обучение и образование в области биоинформатики. С ростом количества геномных данных необходимо обучать ученых и специалистов в области биоинформатики, чтобы они могли эффективно работать с этими данными и применять их в исследованиях и клинической практике</p>
62.	<p>Аннотации генома, поиск генов, поиск сайтов репликации в геноме человека.</p> <p>Ответ: Аннотации генома являются важным этапом в биоинформатике, где геномные данные анализируются и классифицируются для определения функций генов и других регионов генома. Это позволяет ученым понять, какие гены кодируют белки, какие регуляторные элементы контролируют экспрессию генов, а также выявить наличие мутаций и вариантов в геноме.</p> <p>Поиск генов является актуальной задачей в биоинформатике, где ученые разрабатывают алгоритмы и методы для определения положения и структуры генов в геноме. Это позволяет ученым понять, какие гены присутствуют в организме и как они связаны с различными физиологическими процессами и заболеваниями.</p> <p>Поиск сайтов репликации в геноме человека является важным шагом для понимания процесса репликации ДНК. Ученые используют биоинформатические методы для определения мест, где происходит начало репликации, что позволяет понять, как геном реплицируется и какие факторы могут влиять на этот процесс.</p> <p>Все эти задачи требуют разработки и применения специальных алгоритмов и программного обеспечения, которые позволят ученым эффективно анализировать геномные данные и получать важную информацию о структуре и функции генома человека</p>
63.	<p>Предсказание структуры, функции и клеточной локализации белков.</p> <p>Ответ: Предсказание структуры, функции и клеточной локализации белков является одной из важных задач в биоинформатике. Ученые разрабатывают алгоритмы и методы для предсказания трехмерной структуры белка на основе его аминокислотной последовательности. Это позволяет понять, как белок сворачивается в пространстве и какие взаимодействия он может образовывать с другими молекулами.</p> <p>Кроме того, ученые также разрабатывают методы для предсказания функции белков на основе их структуры и последовательности. Это позволяет понять, какие биологические процессы и реакции может катализировать данный белок.</p> <p>Наконец, предсказание клеточной локализации белков позволяет определить, в каких структурах и органеллах клетки они находятся. Это важно для понимания и изучения молекулярных механизмов, происходящих внутри клетки.</p> <p>Все эти задачи требуют использования различных алгоритмов и методов машинного обучения, а также больших объемов геномных данных для обучения моделей предсказания. Результаты этих предсказаний могут быть использованы для дальнейших исследований и разработки новых лекарственных препаратов.</p>
64.	<p>Медицинская и хемоинформатика</p> <p>Ответ: Медицинская и хемоинформатика являются важными областями биоинформатики, которые применяются для анализа и обработки медицинских данных и химической информации.</p> <p>Медицинская информатика используется для хранения, управления и анализа медицинских данных, таких как медицинские записи, результаты лабораторных тестов, изображения и генетические данные. Биоинформатика в медицине помогает в идентификации генетических мутаций, предсказании риска развития болезней, разработке индивидуальной терапии и оптимизации лекарственных препаратов.</p> <p>Хемоинформатика используется для анализа химической информации, такой как</p>

	<p><i>структура молекул и химические свойства соединений. Она помогает в разработке новых лекарственных препаратов, предсказании и оценке их активности и токсичности, а также в изучении взаимодействия молекул с биологическими системами.</i></p> <p><i>Медицинская и хемоинформатика тесно связаны с другими областями биоинформатики, такими как предсказание структуры белков и функции генов. Вместе они способствуют более глубокому пониманию биологических процессов и разработке новых методов диагностики и лечения болезней.</i></p>
--	---

3.4 Темы рефератов

3.4.1 Шифр и наименование компетенции

ОПК-3 Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности

Номер вопроса (задачи, задания)	Текст вопроса (задачи, задания)
65.	Уровни структурной организации белков. Первичная структура белка.
66.	Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов.
67.	Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой.
68.	Современные методы предсказания. вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры. Метод моделирования по гомологиям.
69.	Базы данных пространственных структур биополимеров.
70.	Сравнение последовательностей. Анализ последовательностей нуклеотидов
71.	Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность.
72.	Гены, регуляторные последовательности.
73.	Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы.
74.	Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша.
75.	Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания.
76.	Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике.
77.	Методы определения пространственной структуры биополимеров.
78.	Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей.
79.	Предсказание функции биополимеров по последовательности.
80.	Анализ гомологов и функциональные сигналы.
81.	Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).
82.	Функциональные сайты ДНК
83.	Гены прокариот и эукариот.
84.	Сравнительные методы предсказания генов.
85.	Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК).

3.5.2 Шифр и наименование компетенции

ОПК-5 Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, геной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования

Номер вопроса (задачи, задания)	Текст вопроса (задачи, задания)
86.	Базы данных. Интернет для биоинформатики.
87.	Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB.
88.	Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных:

	GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM), специализированные банки данных.
89.	Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.
90.	Предсказание вторичной структуры.
91.	Предсказание третичной структуры белков по гомологии.
92.	Моделирование гомологов. Фолдинг и его распознавание.
93.	Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов).
94.	Филогенетическое дерево. Модели эволюции.
95.	Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных.
96.	Актуальные проблемы биоинформатики.
97.	Аннотации генома, поиск генов, поиск сайтов репликации в геноме человека.
98.	Предсказание структуры, функции и клеточной локализации белков.
99.	Медицинская и хемоинформатика

4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций

Процедуры оценивания в ходе изучения дисциплины знаний, умений и навыков, характеризующих этапы формирования компетенций, регламентируются положениями:

- П ВГУИТ 2.4.03 Положение о курсовых экзаменах и зачетах;
- П ВГУИТ 4.1.02 Положение о рейтинговой оценке текущей успеваемости, а также методическими указаниями.

Оценка по дисциплине выставляется как среднеарифметическое из всех оценок, полученных в течение периода изучения дисциплины.

5. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания для каждого результата обучения по дисциплине/практике

Результаты обучения по этапам формирования компетенций	Предмет оценки (продукт или процесс)	Показатель оценивания	Критерии оценивания сформированности компетенций	Шкала оценивания	
				Академическая оценка или баллы	Уровень освоения компетенции
Шифр и наименование компетенции					
ОПК-3 Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности					
ЗНАТЬ: основы биоинформатики, применяемые в практике методы программирования; особенности разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; химию и физику нуклеиновых кислот и белков, молекулярные основы передачи генетической информации в биообъектах, геномики	Тест	Результат тестирования	Количество правильных ответов более 60 %	Зачтено/60-100	Освоена (базовый, повышенный)
			Количество правильных ответов менее 60 %	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)
	Собеседование (зачет)	Правильность ответов	обучающийся демонстрирует знание; количество правильных ответов более 60 %	Зачтено/60-100	Освоено (повышенный)
			обучающийся демонстрирует незнание; количество правильных ответов менее 60 %	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)
УМЕТЬ: получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; разрабатывать новые программы, используемые для решения задач в области биоинформатики; модифицировать известные, и создавать специализированные и общедоступные биоинформационные сайты; интерпретировать различные типы биологических данных; использовать современное научное оборудование в профессиональной области	Защита по лабораторным работам	Развернутый и полный ответ на контрольные вопросы	обучающийся активно участвовал в выполнении работы, получил и обработал результаты эксперимента, проанализировал их, допустил не более 5 ошибок в ответах на вопросы при защите лабораторной работы	Зачтено/60-100	Освоена (базовый)
			обучающийся выполнял роль наблюдателя при выполнении работы, не внес вклада в обработку результатов эксперимента, не защитил лабораторную работу	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)
ВЛАДЕТЬ: навыками работы с биоинформационными ресурсами; методами разработки программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным; методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул; создание и сопровождение специализированных	Реферат	Раскрытие темы реферата	Обучающийся полностью раскрыл тему реферата, сделал вывод	Зачтено/60-100	Освоена (базовый, повышенный)
			Обучающийся не смог полностью раскрыть тему реферата, не сделал вывод	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)

баз данных					
ОПК-5 Способен применять в профессиональной деятельности современные представления об основах биотехнологических и биомедицинских производств, геномной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования					
ЗНАТЬ: перспективы объектов своей профессиональной деятельности	Тест	Результат тестирования	Количество правильных ответов более 60 %	Зачтено/60-100	Освоена (базовый, повышенный)
			Количество правильных ответов менее 60 %	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)
	Собеседование (зачет)	Правильность ответов	обучающийся демонстрирует знание; количество правильных ответов более 60 %	Зачтено/60-100	Освоено (повышенный)
			обучающийся демонстрирует незнание; количество правильных ответов менее 60 %	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)
УМЕТЬ: анализировать практическую значимость продуктов биотехнологических и биомедицинских производств	Защита по лабораторным работам	Развернутый и полный ответ на контрольные вопросы	обучающийся активно участвовал в выполнении работы, получил и обработал результаты эксперимента, проанализировал их, допустил не более 5 ошибок в ответах на вопросы при защите лабораторной работы	Зачтено/60-100	Освоена (базовый)
			обучающийся выполнял роль наблюдателя при выполнении работы, не внес вклада в обработку результатов эксперимента, не защитил лабораторную работу	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)
ВЛАДЕТЬ: методами организации биотехнологических производств	Реферат	Раскрытие темы реферата	Обучающийся полностью раскрыл тему реферата, сделал вывод	Зачтено/60-100	Освоена (базовый, повышенный)
			Обучающийся не смог полностью раскрыть тему реферата, не сделал вывод	Не зачтено/0-59	Не освоена (недостаточный)