

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

УТВЕРЖДАЮ

И.о. проректора по учебной работе

(подпись) **Василенко В.Н.**
(Ф.И.О.)

«30» мая 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА
ДИСЦИПЛИНЫ

Биоинформатика

Направление подготовки

06.03.01 Биология

Направленность (профиль)

Пищевая микробиология

Квалификация выпускника

бакалавр

Воронеж

1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины «Биоинформатика» 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	ПКв-6	Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий	ИД1 _{ПКв-6} - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.
			ИД3 _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ПКв-6} - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.	Знает: основные понятия, подходы, информационные ресурсы и методы анализа данных, используемые в биоинформатике
	Умеет: применять основные подходы, информационные ресурсы и методы биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий
	Владеет: проведение анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий
ИД3 _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Знает: способы представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей
	Умеет: использовать интернет ресурсы и биоинформатические методы в биомедицинских исследованиях
	Владеет: проведением работы с результатами транскрипторных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения

3. Место дисциплины в структуре ОП ВО

Дисциплина относится к *части, формируемой участниками образовательных отношений* Блока 1 ООП. Дисциплина является обязательной к изучению.

Изучение дисциплины основано на знаниях, умениях и навыках, полученных при изучении обучающимися дисциплин: «Геносистематика», «Общая биология и биология человека», «Физико-химические методы анализа», «Генетика», «Биохимия», «Биофизика», «Информатика», «Молекулярная биология», «Современные проблемы нутрициологии», «Биологическая индикация».

Дисциплина является предшествующей для изучения дисциплин, «Прикладная биология и экобиотехнология», «Биоинженерия в современных пищевых технологиях», «Редактирование геномов: актуальные задачи и технологии», «Введение в биотехнологию и биоинженерию», «Генная инженерия», «Основы бионанотехнологии», практической подготовки и подготовки выпускной квалификационной работы.

4. Объем дисциплины (модуля) и виды учебных занятий

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		6 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	108	108
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	55	55
Лекции	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические занятия	36	36
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	36	36
Консультации текущие	0,9	0,9
Вид аттестации (зачет/экзамен)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	53	53
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	35	35
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	18	18

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

5.1 Содержание разделов дисциплины

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (указываются темы и дидактические единицы)	Трудоемкость раздела, ак.час
1	Биологические базы данных	Компьютерная молекулярная биология. Обзор публичных баз данных: NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB. Курируемые базы данных. Форматы записей в различных биоинформатических базах данных. Инструменты извлечения информации из баз данных, интерфейс взаимодействия. Поисковые системы, обеспечивающие получение информации одновременно из всех баз NCBI	35,6
2	Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	Задачи анализа первичных последовательностей генов и белков. Гомология последовательностей. Выравнивания биологических последовательностей, локальное и глобальное. Методы парного выравнивания. Методы множественного выравнивания, их программная реализация. Молекулярная филогения. Серверы для построения и анализа выравниваний первичных последовательностей	35,7
3	Структурная биоинформатика. NGS – секвенирование.	Структура белка: первичная, вторичная, третичная. Биоинформатические методы и алгоритмы предсказания структуры белков: по гомологии, тридинга и ab initio. Протеогеномный подход к проверке предсказаний. Банки структур биологических макромолекул. Формат записей в Protein Data Bank. Визуализация пространственных моделей. Методы молекулярного моделирования конформационного поведения биологических	35,7

		макромолекул, их взаимодействия между собой и различными лигандами. Метод молекулярного докинга, виды докинга и их программная реализация. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов. Протеомика	
		<i>Консультации текущие</i>	0,9
		<i>Вид аттестации (зачет/экзамен)</i>	0,1

5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, час	ПЗ (или С), час	ЛР, час	СРО, час
1.	Биологические базы данных	6	12	-	17,6
2.	Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	6	12	-	17,7
3.	Структурная биоинформатика. NGS – секвенирование.	6	12	-	17,7
	<i>Консультации текущие</i>	0,9			
	<i>Вид аттестации (зачет/экзамен)</i>	0,1			

5.2.1 Лекции

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика лекционных занятий	Трудоемкость, ак.час
1	Биологические базы данных	Компьютерная молекулярная биология. Обзор публичных баз данных: NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB. Курируемые базы данных. Форматы записей в различных биоинформатических базах данных. Инструменты извлечения информации из баз данных, интерфейс взаимодействия. Поисковые системы, обеспечивающие получение информации одновременно из всех баз NCBI	6
2	Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	Задачи анализа первичных последовательностей генов и белков. Гомология последовательностей. Выравнивания биологических последовательностей, локальное и глобальное. Методы парного выравнивания. Методы множественного выравнивания, их программная реализация. Молекулярная филогения. Серверы для построения и анализа выравниваний первичных последовательностей	6
3	Структурная биоинформатика. NGS – секвенирование.	Структура белка: первичная, вторичная, третичная. Биоинформатические методы и алгоритмы предсказания структуры белков: по гомологии, тридинга и ab initio. Протеогеномный подход к проверке предсказаний. Банки структур биологических макромолекул. Формат записей в Protein Data Bank. Визуализация пространственных моделей. Методы молекулярного моделирования конформационного поведения биологических макромолекул, их взаимодействия между собой и различными лигандами. Метод молекулярного докинга, виды докинга и их программная реализация. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов. Протеомика	6

5.2.2 Практические занятия (семинары)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика практических занятий	Трудоемкость, ак.ч.
1	Биологические базы данных	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных. Работа с базами данных NCBI (RefSeq, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar). Базы данных OMIM, UniProt, KEGG, Gene Ontology. Геномный браузер UCSC	12
2	Анализ полинуклеотидных	Принципы выравнивания последовательностей.	12

	и полипептидных последовательностей	Матрицы замен. Понятие гомологии. BLAST. PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM. Филогения. База данных NCBI HomoloGene. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей	
3	Структурная биоинформатика. NGS – секвенирование.	Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ качества данных секвенирования. Использование языка R для обработки результатов данных RNASeq. Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.	12

5.2.3 Лабораторный практикум *не предусмотрен*

5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся (СРО)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудоемкость, ак.час
1	Биологические базы данных	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	11,6
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
2	Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	11,7
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
3	Структурная биоинформатика. NGS – секвенирование.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	11,7
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6

6 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

Для освоения дисциплины обучающийся может использовать:

6.1 Основная литература

Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для вузов (гриф УМО ВО). — Москва : Издательство Юрайт, 2023. — 252 с. <https://urait.ru/bcode/511736>

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

6.2 Дополнительная литература

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

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>

6.3 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>

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

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.vsu.ru/MegaPro/Web
Сайт Министерства науки и высшего образования РФ	http://minobrnauki.gov.ru
Электронная информационно-образовательная среда ФГБОУ ВО «ВГУИТ»	http://education.vsu.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 для проведения учебных занятий №434	для проведения учебных занятий. Компьютер, 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 для проведения учебных занятий №204	для проведения учебных занятий. Проектор Epson EB-S41. Комплекты мебели для учебного процесса. Набор демонстрационного материала и комплекты оценочных материалов, обеспечивающих тематические иллюстрации и проведение профильных тренингов.
Учебная аудитория № 416 помещение для самостоятельной работы обучающихся	Компьютеры - 2 шт., 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)].

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 3 зачетных единиц

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		7 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	108	108
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	18,4	18,4
Лекции	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические занятия	12	12
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	12	12
Консультации текущие	0,3	0,3
Вид аттестации (зачет/экзамен)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	89,6	89,6
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	69,6	69,6
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	20	20

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

БИОИНФОРМАТИКА

1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ПКв-6	Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий	ИД1 _{ПКв-6} - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.
			ИД3 _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ПКв-6} - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.	Знает: основные понятия, подходы, информационные ресурсы и методы анализа данных, используемые в биоинформатике
	Умеет: применять основные подходы, информационные ресурсы и методы биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий
	Владеет: проведение анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий
ИД3 _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Знает: способы представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей
	Умеет: использовать интернет-ресурсы и биоинформатические методы в биомедицинских исследованиях
	Владеет: проведением работы с результатами транскрипторных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения

2 Паспорт оценочных материалов по дисциплине

№ п/п	Разделы дисциплины	Индекс контролируемой	Оценочные материалы		Технология/процедура оценивания (способ контроля)
			наименование	№№ заданий	

		компетенци и (или ее части)			
1	Биологическ ие базы данных	ПКв-6	<i>Тестовое задание</i>	1-11	<i>Бланочное или компьютерное Тестирование</i> Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			<i>Письменный ответ</i>	31-42	
			<i>Собеседование (вопросы для зачета)</i>	60-70	<i>Проверка преподавателем</i> Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
2	Анализ полинуклеот идных и полипептидн ых последовате льностей	ПКв-6	<i>Тестовое задание</i>	12-14	<i>Бланочное или компьютерное Тестирование</i> Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			<i>Письменный ответ</i>	43-45	
			<i>Собеседование (вопросы для зачета)</i>	71-80	<i>Проверка преподавателем</i> Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
3	Структурная биоинформа тика. NGS – секвенирова ние	ПКв-6	<i>Тестовое задание</i>	15-30	<i>Бланочное или компьютерное Тестирование</i> Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			<i>Письменный ответ</i>	46-60	
			<i>Собеседование (вопросы для зачета)</i>	76-96	<i>Проверка преподавателем</i> Отметка в системе «зачтено – не зачтено»

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

Для оценки знаний, умений, навыков студентов по дисциплине применяется бально-рейтинговая система оценки сформированности компетенции студента.

Бально-рейтинговая система оценки осуществляется в течение всего семестра при проведении аудиторных занятий и контроля самостоятельной работы. Показателями ОМ являются: текущий опрос в виде собеседования на лабораторных работах и выполнения тестовых заданий. Оценки выставляются в соответствии с графиком контроля текущей

успеваемости студентов в автоматизированную систему баз данных (АСУБД) «Рейтинг студентов».

Обучающийся, набравший в семестре более 60 % от максимально возможной балльно-рейтинговой оценки работы в семестре получает зачет автоматически.

Студент, набравший за текущую работу в семестре менее 60 %, т.к. не выполнил всю работу в семестре по объективным причинам (болезнь, официальное освобождение и т.п.) допускается до зачета, однако ему дополнительно задаются вопросы на собеседовании по разделам, выносимым на зачет.

Аттестация обучающегося по дисциплине проводится в форме тестирования и предусматривает возможность последующего собеседования (зачета). Зачет проводится в виде тестового задания или собеседования.

Каждый вариант теста включает 20 контрольных заданий, из них:

- 7 контрольных заданий на проверку знаний;
- 7 контрольных заданий на проверку умений;
- 6 контрольных заданий на проверку навыков.

В случае неудовлетворительной сдачи зачета студенту предоставляется право повторной сдачи в срок, установленный для ликвидации академической задолженности по итогам соответствующей сессии. При повторной сдаче зачета количество набранных студентом баллов на предыдущем зачете не учитывается.

3.1 Тесты (тестовые задания)

3.1.1. Шифр и наименование компетенции

ПКв-6 - Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий

№ задания	Тестовое задание с вариантами ответов и правильными ответами
1	С помощью какой из перечисленных программ можно осуществить множественное выравнивание последовательностей ДНК и белков 1. BLAST 2. CASP 3. ClustalW 4. DALI
2	Основной инструмент биоинформатики это: 1. секвенирование 2. выравнивание последовательностей 3. программирование 4. картирование генома
3	Отдельный фрагмент информации в базе данных называется: 1. файл 2. поле 3. запись 4. набор данных
4	Что из нижеперечисленного является базой данных нуклеотидных последовательностей: 1. EMBL 2. SWISS PROT 3. PROSITE 4. TRMBL

5	База данных последовательностей генома человека называется 1. OMIM 2. HGMD 3. Golden path 4. GeneCards
6	Программа BLAST используется для: 1. ДНК секвенирования 2. Секвенирования аминокислот 3. ДНК баркодинга 4. Биоинформатики
7	SWISS PROT связан с: 1. Портативными данными 2. Данными Swiss Bank 3. Базой данных последовательностей
8	Какой из следующих инструментов используется для анализа мотивов белковой последовательности: 1. Pattern hunter 2. COPIA 3. PROSPECT 4. BLAST
9	Разновидность биоинформатического моделирования, предсказывающего трехмерную структуру любого комплекса – это определение связано с 1. Био докинг 2. Молекулярный докинг 3. Генный докинг
10	Геном человека содержит примерно 1. 10 миллиардов пар оснований 2. 7 миллиардов пар оснований 3. миллиардов пар оснований 4. 3 миллиарда пар оснований
11	Выберите правильное определение протеомики 1. Изучение биомолекул 2. Изучение строения и функции витаминов 3. Изучение всего набора генов 4. Изучение структуры и функции белков
12	Сколько ddNTP используется в методе Сэнгера: 1. Один 2. Два 3. Четыре 4. Три
13	Какая задача выполняется в биоинформатике: 1. Все варианты 2. Анализ структуры белка 3. Анализ изменчивости генов 4. Картирование и анализ ДНК

14	<p>Что из следующего является первой биологической базой данных</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. MySQL 2. BioBank 3. GenBank 4. Informix
15	<p>Когда Смит-Уотерман описал алгоритм локального выравнивания</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 1925 г. 2. 1950 г. 3. 1981 г. 4. 1970 г.
16	<p>Кто из следующих ученых ввел термин биоинформатика</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Фредерик Сэнгер 2. Маргарет Дейхофф 3. Полин Хогевег 4. Джей Ди Уотсон
17	<p>SWISS PROT создан в</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 1997 г. 2. 1978 г. 3. 1990 г. 4. 1987 г.
18	<p>Все инструменты выравнивания последовательности, кроме:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Rasmol 2. BLAST 3. FASTA 4. Clustal W
19	<p>Выберите правильный пример инструмента «Гомология и сходство»:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. RasMol 2. BLAST 3. EMBOSS 4. PROSPECT
20	<p>Дисциплина биоинформатики, которая используется для идентификации генов и их соответствующих функций, называется</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Сравнительная геномика 2. Функциональная геномика 3. Структурная геномика 4. Медицинская информатика
21	<p>Что из следующего является первой завершенной и опубликованной последовательностью генов?</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. ΦX174 2. T4 phage 3. M13 phage 4. Lambda phage
22	<p>Файл данных Protein Data Bank (PDB) для структуры белка содержит только координаты x и z атомов.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. верно

	2. неверно
23	Какая из следующих особенностей байесовских методов является их недостатком? 1. Могут быть определены длина и расстояние, которые дают наибольшую общую вероятность 2. Они используются для расчета эволюционного расстояния 3. Вычислительные байесовские методы лучше 4. Требуется конкретная мутационная модель
24	При локальном выравнивании две выравниваемые последовательности не могут иметь разную длину: 1. верно 2. неверно
25	База данных _____ предназначена для предоставления информации о последовательностях 1. NCBI 2. GenBank 3. EXPASY 4. ncRNA
26	_____ представляет собой интегрированную базу данных знаний, посвященную некодирующим РНК 1. NONCODE 2. Profile 3. Domain 4. Clusters
27	_____ это база данных генетических последовательностей NIH, собрание всех общедоступных последовательности ДНК: 1. NCBI 2. GenBank 3. EXPASY
28	В геномике и протеомике будет проведена нормализация данных: 1. Чтобы избежать ошибки и шума 2. Чтобы удалить обычные данные 3. Удалить образцы данных 4. Для корректировки данных
29	База данных OMIM была создана в начале 1960-х годов _____ 1. Др. Виктор А 2. Др.Джеймс 3. Др. Уилсон 4. Др.Уолтер
30	Загрузка (download) из Интернета возможна тремя путями: 1. непосредственно из гипертекстового документа 2. с FTP-сервера 3. по электронной почте 4. всё правильно
31	Программа BLAST используется в Ответ: Биоинформатике
32	Филогенетическое родство может быть показано

	Ответ: Дендрограммой
33	Протеомика – это изучение Ответ: Весь набор экспрессируемых белков в клетки
34	Пошаговый метод решения задач в информатике называется Ответ: Алгоритм
35	Осаждение кДНК в инертную структуру Ответ: микрочипы ДНК
36	Если одна нить молекулы ДНК имеет последовательность оснований 5' ATTGCA 3', обратная комплементарная нить будет иметь последовательность Ответ: 3' TAACGT 5'
37	Если вы вводите набор кодов IUPAC в BLAST, вы, вероятно, пытаетесь Ответ: Определить идентичность белка
38	Для чего используются матрицы BLOSUM Ответ: Парное выравнивание последовательностей
39	Термин, используемый для обозначения чего-либо, выполняемое на компьютере или компьютерном моделировании Ответ: in silico
40	Совокупность правил, согласно которым в живых клетках последовательность нуклеотидов (ген и мРНК) переводится в последовательность аминокислот (белок) Ответ: Генетический код
41	Сколько аминокислот будет кодироваться последовательностью 5' GAU GGU UGA UGU 3' Ответ: Две
42	Биоинформатика – это быстро развивающаяся отрасль информатики, которая занимается Ответ: Теоретическими вопросами хранения и передачи информации в биологических системах
43	В 1965 году была секвенирована Ответ: тРНК
44	... осуществляет выделение и описание генов, и приписывание последовательностям этих генов некоторых функций или назначений (например, экспрессии специфического белка или обозначения этого гена в качестве маркера определённой болезни) Ответ: Геномика
45	...занимается очисткой и описанием белков, используя технологии типа двумерного геле-электрофореза, многомерной хроматографии и масс-спектрологии Ответ: Протеомика
46	... означает, что последовательности и организмы, в которых они обнаружены, являются потомками общего предка, при этом предполагается, что подобные характеристики имели и предки Ответ: Гомология
47	Свойство, благодаря которому любая информация, не будучи ни материей, ни энергией, может существовать не в свободном виде, а только в зафиксированном состоянии – в виде записи на каком-либо физическом носителе Ответ: Фиксируемость
48	Свойство информации, ассоциируемое с её бренностью, другими словами, с сохранностью её носителя Ответ: Изменчивость
49	Изображение относительных расстояний между генами, оцениваемых на основании измеренных частот рекомбинации этих генов Ответ: Генетическая карта
50	Измеряет число и типы белков, присутствующих в здоровых и больных (или в "диких" и мутантных) клетках Ответ: Структурная протеомика
51	Матрица ... отражает вероятность замен аминокислот в ходе эволюционного изменения аминокислотных последовательностей в белковых цепях Ответ: PAM
52	... — это последовательность в базе данных, содержащая большое число подходящих k-кортежей Ответ: Последовательность-кандидат
53	... показывает, насколько необычно обнаруженное нами совпадение, то есть в терминах статистики – это расстояние (измеряемое как среднеквадратическое отклонение) данного уровня от среднего значения по набору данных Ответ: Z-score
54	...– это позиционная таблица счетов, в которую сведена информация о полном

	выравнивании последовательностей Ответ: Профиль (или весовая матрица)
55	... — это филогенетическое дерево, не содержащее информации о длинах ветвей Ответ: Кладограмма
56	... — это группа организмов или генов, в которую входит ближайший общий предок всех её членов и все потомки этого ближайшего общего предка Ответ: Клад
57	... — это скопированный фрагмент ДНК, который идентичен матрице, с которой он был получен Ответ: Клон
58	... — это процесс, в котором наследственная информация от гена (последовательности нуклеотидов ДНК) преобразуется в функциональный продукт – РНК или белок Ответ: Экспрессия генов
59	... – это гены (и их продукты), которые разошлись в результате видообразования Ответ: Ортологи
60	... — это отличие в последовательности ДНК размером в один нуклеотид Ответ: SNP

Критерии и шкалы оценки:

Процентная шкала 0-100 %; отметка в системе

«неудовлетворительно, удовлетворительно, хорошо, отлично»

0-59,99% - неудовлетворительно;

60-74,99% - удовлетворительно;

75- 84,99% -хорошо;

85-100% - отлично.

3.2 Зачет

3.2.1. Шифр и наименование компетенции

ПКв-6 - Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий

Вопросы для зачета

Номер вопроса	Текст вопроса
61	Каким открытиям и достижениям в молекулярной биологии, генетике и информатике обязана своим возникновением биоинформатика
62	Биоинформатика: определение, основные понятия
63	Предмет исследований биоинформатики
64	Основные цели и задачи биоинформатики
65	Перечислите инструменты для выравнивания нуклеотидных последовательностей
66	Перечислите базы данных по геному человека и кратко охарактеризуйте их
67	Инструменты для работы с геномом
68	Последовательности аминокислот и нуклеотидов как основная информационная составляющая биоинформатики
69	Форматы данных хранения геномных последовательностей (нуклеотидных, аминокислотных): FASTA формат, GenBank формат, EMBL формат
70	Специализированные базы данных и инструментарий – NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB
71	Методы построения филогенетических деревьев
72	Понятия p-value, достоверности, множественная поправка
73	Алгоритмы сборки геномных последовательностей из фрагментов
74	Подбор праймеров для ПЦР и зондов для гибридизации. Подбор зондов для микрочипов
75	Типы метагеномной классификации: по составу, филогении, гибридные алгоритмы
76	Понятие операционной таксономической единицы (OTU)

77	Процедура выравнивания двух последовательностей
78	Алгоритмы выравнивания двух последовательностей
79	Филогенетический анализ и визуализации
80	Принципы работы алгоритма BLAST для попарного выравнивания последовательностей
81	Метагеном кишечника человека
82	Первичная обработка данных технологий секвенирования ДНК нового поколения – контроль качества прочтения, удаление и фильтрация недостоверных данных
83	Исследование природных микробиомов с помощью метабраудинга на основе маркерного гена 16S рРНК
84	Метабаркодирование – анализ видового состава сообществ организмов с помощью NGS технологий
85	Перечислить основные методы секвенирования последовательностей
86	Формат fastq для хранения первичных данных секвенирования ДНК нового поколения
87	Контроль качества секвенирования ДНК на основе поколения на основе fastq формата данных
88	CLUSTAL – программное средство для множественного выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей на основе эвристической стратегии
89	Инструменты депонирования нуклеотидных последовательностей в базе данных NCBI GenBank
90	Функциональная аннотация генов
91	Сходство последовательностей (идентичность, консервативность)
92	Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров
93	Кратко охарактеризуйте базу данных, которая используется для анализа данных высокопроизводительного секвенирования гена 16S rRNA?
94	Чем вызвана необходимость предсказания белковых структур?
95	В чем состоит предсказание функции белка? Приведите несколько примеров программ визуализации молекул
96	Охарактеризуйте базу данных UniProt

Критерии и шкалы оценки:

- оценка **«зачтено»** выставляется студенту, если он показывает владение информацией на темы изучаемой дисциплины в объеме, достаточном для качественного выполнения всех профессиональных действий;

- оценка **«не зачтено»**, если студент не демонстрирует владение информацией на темы изучаемой дисциплины, в объеме, требуемом для выполнения профессиональных действий.

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.

Для оценки знаний, умений, навыков обучающихся по дисциплине применяется рейтинговая система. Итоговая оценка по дисциплине определяется на основании определения среднеарифметического значения баллов по каждому заданию.

Зачет по дисциплине выставляется в зачетную ведомость по результатам работы в семестре после выполнения всех видов учебной работы, предусмотренных рабочей программой дисциплины (с отметкой «зачтено») и получении по результатам тестирования по всем разделам дисциплины не менее 60 %.

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

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 ИД1 _{ПКв-6} - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий					
Знать	Знание основных понятий, подходов, информационных ресурсов и методов анализа данных, используемых в биоинформатике	Выявление у студента знания и понимания основополагающих понятий, методов и подходов, применяемых для анализа биоинформатических данных	Обучающийся демонстрирует знание основных понятий, подходов, информационных ресурсов и методов анализа данных, используемых в биоинформатике	Зачтено /60-100	Освоена (базовый)
			Обучающийся не демонстрирует знание основных понятий, подходов, информационных ресурсов и методов анализа данных, используемых в биоинформатике	Не зачтено /0- 59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	Умение применять основные подходы, информационные ресурсы и методы биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий	Демонстрация студентом способности решать прикладные задачи на основе использования известных и доступных методик, подходов и информационных ресурсов	Обучающийся использует практические навыки применения основных подходов, информационных ресурсов и методов биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий	Зачтено /60-100	Освоена (базовый)
			Обучающийся не использует практические навыки применения основных подходов, информационных ресурсов и методов биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий	Не зачтено /0- 59,99	Не освоена (недостаточный)
Владеть	Владение методиками проведения анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики	Выявление у студента навыков владения основными методами анализа данных, их качества; биоинформатическими методами, решающими прикладные задачи генетических и геномных технологий	Обучающийся демонстрирует владение методиками проведения анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий	Зачтено /60-100	Освоена (базовый)
			Обучающийся не демонстрирует владение методиками проведения анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения	Не зачтено /0- 59,99	Не освоена (недостаточный)

	и генетических технологий		прикладных задач генетики, геномики и генетических технологий		
Шифр и наименование компетенции ИДЗ _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании					
Знать	Знание способов представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей	Выявление у студентов знания основных способов, используемых для хранения и анализа последовательностей нуклеиновых и аминокислот	Обучающийся демонстрирует знание способов представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей	Зачтено /60-100	Освоена (базовый)
			Обучающийся не демонстрирует знание способов представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей	Не зачтено /0- 59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	Умение использовать интернет-ресурсы и биоинформатические методы в биомедицинских исследованиях	Демонстрация студентом способности решать задачи биомедицинских исследований на основе использования биоинформатических методов и интернет-ресурсов	Обучающийся реализует практические навыки использования интернет-ресурсов и биоинформатических методов в биомедицинских исследованиях	Зачтено /60-100	Освоена (базовый)
			Обучающийся не реализует практические навыки использования интернет-ресурсов и биоинформатических методов в биомедицинских исследованиях	Не зачтено /0- 59,99	Не освоена (недостаточный)
Владеть	Владение методиками проведения работы с результатами транскрипторных и геномных исследований, полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения	Выявление у студента навыка владения методами, позволяющими анализировать результаты геномных и транскриптомных исследований, полученных в результате секвенирования	Обучающийся демонстрирует владение методиками проведения работы с результатами транскрипторных и геномных исследований, полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения	Зачтено /60-100	Освоена (базовый)
			Обучающийся не демонстрирует владение методиками проведения работы с результатами транскрипторных и геномных исследований, полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения	Не зачтено /0- 59,99	Не освоена (недостаточный)

