

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

Компьютерные технологии в биологии

Направление подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль)

Микробиология

Квалификация выпускника

магистр

Воронеж

1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины (модуля) «Компьютерные технологии в биологии» 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.

В рамках освоения программы магистратуры выпускники могут готовиться к решению задач профессиональной деятельности следующих типов: *научно-исследовательский; экспертно-аналитический.*

Программа составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.04.01 Биология (уровень образования - магистратура).

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-6	Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок	ИД-1 _{ОПК-6} – Применяет и модифицирует современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты для решения профессиональных задач
			ИД-2 _{ОПК-6} – Работает с профессиональными базами данных, профессионально оформляет и представляет результаты новых разработок

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД-1 _{ОПК-6} – Применяет и модифицирует современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты для решения профессиональных задач	Знает: современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты
	Умеет: применять современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты
	Владеет: навыками применения компьютерных технологий и специализированного программного обеспечения с области биологии
ИД-2 _{ОПК-6} – Работает с профессиональными базами данных, профессионально оформляет и представляет результаты новых разработок	Знает: профессиональные базы данных для работы в области биологии
	Умеет: работать с профессиональными базами данных в области биологии
	Владеет: методами оформления и представления результатов новых разработок в области компьютерных технологий; навыками поиска биологической информации в разнородных базах данных с помощью системы запросов.

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: *Современные проблемы биологии, Математическое моделирование биологических процессов, История и методология биологии, Современная экология и глобальные экологические проблемы.*

Дисциплина является предшествующей для изучения дисциплин и практик: *Основы научно-исследовательской деятельности, Учебная практика, ознакомительная практика, Производственная практика, преддипломная практика,*

в том числе научно-исследовательская работа, практической подготовки, подготовке к процедуре защиты и защита выпускной квалификационной работы проведения государственной итоговой аттестации.

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
		3 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	18,1	18,1
Лекции	-	-
<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	-	-
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	53,9	53,9
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	17	17
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	18	18
Домашнее задание, реферат	18,9	18,9

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	Интернет.	Информационный поиск.	23
2	Подготовка биологических данных и основные этапы Биологического исследования.	Обработка данных. Базы данных.	24
3	Специализированные базы и банки биологических данных.	Обзор программного обеспечения для решения биологических задач. Представление результатов исследований. Защита данных.	24,9
	<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,1

5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, ак. ч	ПЗ (С), ак. ч	СРО, ак. ч
1	Интернет.	-	6	18
2	Подготовка биологических данных и основные этапы Биологического исследования.	-	6	17
3	Специализированные базы и банки биологических данных.	-	6	18,9
	<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,1	

5.2.1 Лекции не предусмотрены

5.2.2 Практические занятия (семинары)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика практических занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Интернет.	Основные программы сравнения аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Интернет как средство профессионального общения и решения конкретных задач	6

		биологии. Использование компьютеров для решения прикладных задач. Основные понятия и виды поиска. Информационно-поисковые языки. Понятия пертинентности, смысловой и формальной релевантности. Критерии выдачи. Модели поиска. Стратегии поиска. Обзор сайтов биологической направленности.	
2	Подготовка биологических данных и основные этапы Биологического исследования.	Статистические методы обработки биологических данных. Обзор статистических компьютерных программ: Statgraphics, SPSS и STATISTICA. Использование Microsoft Excel для решения прикладных задач математической статистики. Классы структур данных: иерархические, сетевые и реляционные. Системы управления базами данных (СУБД). Архитектура СУБД. Основные конструкции структур данных и функции СУБД MS Access. Создание и редактирование баз данных. Администрирование. Базы данных научной и образовательной информации, телекоммуникационные сети, компьютерные образовательные технологии, дистанционное обучение.	6
3	Специализированные базы и банки биологических данных.	Библиографические PubMed, первичных последовательностей ДНК/РНК и белков: GenBank/EMBL/DBJ, TrEMBL/SwissProt. Геномные базы данных. Обзор баз данных и программ обработки молекулярно-биологических данных. Применение пакетов прикладных программ в учебном процессе по молекулярной биологии. Работа с программами Blast, ClustalW, Phylip, Использование информационных ресурсов сети Интернет. Статьи, презентации (PowerPoint) и постеры (CorelDraw). Редактирование данных. Несанкционированный доступ. Создание резервных копий. Шифрование данных.	6

5.2.3 Лабораторный практикум *не предусмотрен*

5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудоемкость, час
1	Интернет.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	6
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
		Домашнее задание, реферат	6
2	Подготовка биологических данных и основные этапы Биологического исследования.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	5
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
		Домашнее задание, реферат	6
3	Специализированные базы и банки биологических данных.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	6
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
		Домашнее задание, реферат	6,9

6 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Для освоения дисциплины обучающийся может использовать:

6.1 Основная литература

Смоленцева, Т. Е. Базовые и прикладные информационные технологии. Разработка Web-приложений : учебно-методическое пособие. — Москва : РТУ МИРЭА, 2021. — 78 с. <https://e.lanbook.com/book/218702>

Прохорова, Н. В. Математическое моделирование в биологии и экологии : учебное пособие. — Самара : Самарский университет, 2021. — 64 с. <https://e.lanbook.com/book/256877>

Яхонтова, И. М. Информационные технологии в науке, производстве и образовании : учебное пособие. — Краснодар : КубГАУ, 2020. — 122 с. <https://e.lanbook.com/book/254285>

6.2 Дополнительная литература

Арбузова, Е. Н. Методика обучения биологии : учебное пособие. — Омск : ОмГПУ, 2013. — 332 с. <https://e.lanbook.com/book/111555>

Баженова, И. А. Основы молекулярной биологии. Теория и практика : учебное пособие для вузов. — 3-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 140 с. <https://e.lanbook.com/book/242981>

6.3 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся

Яхонтова, И. М. Информационные технологии в науке, производстве и образовании : учебное пособие. — Краснодар : КубГАУ, 2020. — 122 с. <https://e.lanbook.com/book/254285>

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.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 17.11.2008г. 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 №403	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 №434	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)].
Помещение для самостоятельной работы № 416	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 формы обучения

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

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 2 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		3 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	12,1	12,1
Лекции	-	-
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	12	12
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Консультации текущие	-	-
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	59,9	59,9
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	20	20
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	20	20
Домашнее задание, реферат	19,9	19,9

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

Компьютерные технологии в биологии

1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования

№ п/п	Код компетенции	Формулировка компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ОПК-6	Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок	ИД-1 _{ОПК-6} – Применяет и модифицирует современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты для решения профессиональных задач
			ИД-2 _{ОПК-6} – Работает с профессиональными базами данных, профессионально оформляет и представляет результаты новых разработок

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД-1 _{ОПК-6} – Применяет и модифицирует современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты для решения профессиональных задач	Знает: современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты
	Умеет: применять современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты
	Владеет: навыками применения компьютерных технологий и специализированного программного обеспечения с области биологии
ИД-2 _{ОПК-6} – Работает с профессиональными базами данных, профессионально оформляет и представляет результаты новых разработок	Знает: профессиональные базы данных для работы в области биологии
	Умеет: работать с профессиональными базами данных в области биологии
	Владеет: методами оформления и представления результатов новых разработок в области компьютерных технологий; навыками поиска биологической информации в разнородных базах данных с помощью системы запросов.

2 Паспорт оценочных материалов по дисциплине

№ п/п	Разделы дисциплины	Индекс контролируемой компетенции (или ее части)	Оценочные средства		Технология/процедура оценивания (способ контроля)
			наименование	№№ заданий	
1	Интернет.	ОПК-6	Тест	1-5	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (вопросы для зачета)	16-22	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (задания)	41-45	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно;

			для лабораторной и практической работы)		60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание	54	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
2	Подготовка биологических данных и основные этапы. Биологического исследования.	ОПК-6	Тест	6-8	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (вопросы для зачета)	23-33	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (задания для лабораторной и практической работы)	46-48	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание	55-57	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
3	Специализированные базы и банки биологических данных.	ОПК-6	Тест	9-15	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (вопросы для зачета)	24-40	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (задания для лабораторной и практической работы)	49-53	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
		ОПК-6	Домашнее задание	58-60	Проверка преподавателем 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 компетенций 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, практических занятиях, тестовые задания в виде решения контрольных работ на практических работах и самостоятельно (домашняя контрольная работа) и сдачи курсовой работы по предложенной преподавателем теме. 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 бально-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 (экзамена). Зачет проводится в виде тестового задания.

Каждый вариант теста включает 15 контрольных заданий, из них:

- 5 контрольных заданий на проверку знаний;
- 5 контрольных заданий на проверку умений;
- 5 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 ОПК – 6 Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок

№ задания	Тестовое задание с вариантами ответов и правильными ответами
1.	1) Комплекс методологических, программных, технических, информационных и организационных средств, поддерживающих процессы функционирования информатизируемой организации, называется: а) информационными системами б) информационными технологиями в) автоматизированными устройствами г) автоматизированными системами
2.	Интернет (Internet) – 1. глобальная система 2. система объединённых компьютерных сетей 3. локальная система 4. закрытая система
3.	Новый раздел науки на стыке биологии и информатики, рассматривающий различные аспекты применения информационного подхода и информационных технологий в исследованиях биологических объектов, процессов и систем

	<p>1) биологическая информация; 2) информатика; 3) информационная биология; 4) базы данных в биологии</p>
4.	<p>Биномиальная система номенклатуры 1. Двойное название 2. Тройное название 3. Смежное название 4. Незаконная система</p>
5.	<p>Кто создал первую аналитическую (вычислительную) машину? 1. Конрад Цуз 2. Ада Ловелайс 3. Чарльз Беббидж 4. Чарльз Уотсон</p>
6.	<p>Под современными (новыми) информационными технологиями понимаются: 1. новые (компьютерные) технологии обработки информации; 2. новые коммуникационные технологии; 3. новые кибернетические (то есть управленческие) технологии; 4. все вышеперечисленные</p>
7.	<p>Система сбора, хранения, анализа и графической визуализации пространственных (географических) данных и связанной с ними информацией о необходимых объектах.: 1. Информационная система 2. Геоинформационная система (ГИС) 3. Информационная биологическая система 4. Биоинформационная система (БИС)</p>
8.	<p>Термин «биоинформатика» ввел(а) 1. Хогевез 2. Уотсон 3. Дарвин 4. Камерон</p>
9.	<p>Компьютерное программное обеспечение для проведения статистического анализа молекулярной эволюции 1. MEGA 2. Statistica 3. Excel 4. FAST</p>
10.	<p>GBIF - глобальная информационная система по 1. биоразнообразию 2. разнообразию папоротников 3. безобразию 4. зооразнообразию</p>
11.	<p>Базы данных нуклеотидных последовательностей 1. GenBank 2. EBI 3. DDBJ 4. SSPS</p>
12.	<p>Секвенирование следующего поколения 1. NGS 2. GPS 3. rbcL 4. TRNA</p>
13.	<p>Глобальное хранение биологической информации в части последовательности нуклеотидов происходит в: 1. Генбанках 2. Биобанках 3. Криохранилищах 4. Лабораториях</p>

14.	Первая программная система аннотации геномов была создана в 1. 1995 2. 1987 3. 1956 4. 2000
15.	Хромосомы 1. находятся в клетках 2. хранят наследственную информацию 3. не делятся 4. находятся вне живого организма
16.	При слиянии половых клеток образуется: 1) зигота 2) бластула 3) гаструла 4) нейрула

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 Собеседование (вопросы для зачета)

3.2.1. **ОПК – 6 Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок**

Номер вопроса	Текст вопроса
17.	<p>Принципы работы интернет- и веб-сервисов.</p> <p>Ответ: <i>Интернет - сервис, это установленная на вашем компьютере программа или ее часть, которая использует для своих нужд связь с интернетом. Чаще всего, часть программы, установленная на компьютере пользователя, называется клиентом, а та часть, что предоставляет данные где-то в Интернете - сервером. Клиент запрашивает какую-то информацию, а сервер её предоставляет. В UCSF Chimera и JalView мы уже пользовались их интернет-сервисами для загрузки данных в программу из интернет-баз. Вы скорее всего знакомы с такими интернет-сервисами, как программы мгновенной передачи сообщений ICQ или Skype.</i> <i>Интернет первоначально был создан для показа ссылающихся друг на друга страниц через браузер (Internet Explorer, Mozilla Firefox и др.) но, с усложнением технологий его использования, стало возможно выполнять прямо в окне браузера довольно сложные приложения.</i> <i>Такие приложения называются веб-сервисами. Самые известные вебсервисы — это, конечно, поисковики, например google или yandex, также известны почтовые сервисы типа gmail или mail.ru. Общий принцип различия интернет- и вебсервисов прост: если вы работаете с чем-то интернетным через браузер, заходя на странички www — это вебсервис, а если вы работаете в программе, а она уже в свою очередь както общается с Интернетом — это интернет-сервис.</i></p>
18.	<p>Понятие биоинформатики. Методы редактирования биологической информации и выравнивание нуклеотидных последовательностей.</p> <p>Ответ: <i>Биоинформатика – это наука о хранении, извлечении, организации, анализе, интерпретации и использовании биологической информации.</i> <i>Современная биоинформатика возникла в конце семидесятых годов двадцатого века с появлением эффективных методов расшифровки нуклеотидных последовательностей ДНК. Датой выделения биоинформатики в отдельную</i></p>

	<p>научную область можно считать 1980 год, когда началось издание журнала <i>Nucleic Acids Research</i>, целиком посвящённого компьютерным методам анализа последовательностей.</p>
19.	<p>Корпоративные компьютерные сети. Ответ: Сети передачи данных этого типа построены на базе локальных, объединённых между собой магистральными линиями, связей. Так, например, интеграция локальных сетей подразделений БГУ осуществлена с использованием волоконно-оптических линий (рис. 4). Основным назначением корпоративных сетей является унификация рабочей среды и документооборота организаций с целью наиболее оперативного реагирования сотрудников в случаях нововведений, а также эффективного использования внутренней информации. Ввиду того что построение внутренних корпоративных сетей базируется на технологиях и протоколах связи, аналогичных таковым для доступа к глобальной сети Интернет, для входа во внутренние сети предприятий и организаций используются по большей части привычные для пользователя веб-обозреватели (браузеры).</p>
20.	<p>Суть модельного конструирования. Ответ: Одно из наиболее актуальных применений — <i>drug design</i>, компьютерное проектирование лекарственных средств. Общий путь создания нового лекарственного средства обычно содержит семь этапов: 1) Выбор болезни, для которой создается лекарство 2) Выбор и изучение молекулярной мишени, на которую будет действовать лекарственное средство 3) Нахождение базовой структуры лекарственного средства 4) Оптимизация найденной структуры 5) Доклинические испытания 6) Клинические испытания 7) Производство препарата До появления компьютерных методов проектирования лекарственных средств основными источниками претендентов на лекарственные соединения были живые организмы и классический химический синтез. В ходе экспериментального тестирования огромное большинство веществ-претендентов отбрасывались как неперспективные по причинам неэффективности, ядовитости, сложности получения и т. д. и только одно из 100 000 претендентов на лекарственное средство могло стать реальным лекарством. Компьютерные методы позволили оптимизировать первые четыре этапа проектирования и на два порядка сократить количество веществ, которые нужно синтезировать для доклинических и клинических испытаний. Конечно, эти подходы не могут полностью заменить реальные эксперименты, их задача — подбор наиболее вероятных мишеней для действия лекарственных средств и взаимодействующих с этими мишенями лигандов для последующей проверки в биологических экспериментах.</p>
21.	<p>Филогенетика в биологии. Ответ: Филогения с древне-греческого дословно переводится <i>phylon</i> — «племя, раса» и <i>genetikos</i> — «имеющий отношение к рождению», в более широком смысле означает историческое развитие организмов. В биологии филогенез рассматривает развитие биологического вида во времени. Макромолекулярные данные, под которыми имеется в виду последовательности генетического материала ДНК и белков, накапливаются всё быстрее темпами благодаря успехам молекулярной биологии. Для эволюционной биологии быстрое накопление данных последовательностей целых геномов имеет значительную ценность, потому что сама природа ДНК позволяет использовать его как «документ» эволюционной истории. Сравнения нуклеотидных или аминокислотных последовательностей у разных организмов могут сказать ученому много нового об эволюционных взаимоотношениях этих организмов, которые не могут быть обнаружены иначе, например, на основе морфологии, или внешней форме организмов, или их внутренней структуре. Поскольку геномы эволюционируют через постепенное накопление мутаций, количество отличий последовательности нуклеотидов между парой геномов</p>

	<p>разных организмов должно указать, как давно эти два генома отделились от общего предка. Два генома, которые разделились в недавнем прошлом, должны иметь меньшие отличия, чем два генома, чей общий предок более древний. Потому, сравнивая разные биологические последовательности друг с другом, возможно получить сведения об эволюционном взаимоотношения между ними. Это является главной задачей молекулярной филогенетики.</p> <p>Молекулярная филогенетика пытается определить скорость и отличия изменений в ДНК и белках, чтобы восстановить эволюционную историю генов и организмов.</p> <p>Задачей филогенетического анализа является установление, реконструкция эволюционной истории — родственных связей, отношений между формами жизни — и датирование эволюционных событий. В филогенетических исследованиях эволюционные отношения между формами жизни представляют в виде филогенетических, или эволюционных, деревьев (phylogenetic, evolutionary trees).</p>
22.	<p>Филогенетическое древо.</p> <p>Ответ:</p> <p>Филогенетическое древо состоит из внутренних и внешних ветвей (branches), узлов (nodes), и, если исследователем выбрана соответствующая опция, - корня (root), без корня (unroot). Порядок всех ветвей дерева называют его топологией (topology). Внутренние ветви соединяют внутренние узлы, внешние ветви ведут непосредственно к объектам исследования (также они называются внешние узлы, или листья дерева, leaves). Деревья с корнем отражают направление эволюции, порядок почкования, ответвления (branching) различных эволюционных линий.</p> <p>Объектами филогенетического исследования могут быть гены или их участки, нуклеотидные или аминокислотные последовательности, организмы, популяции, индивидуумы, штаммы вирусов и т.д. Эти объекты исследования называют оперативными таксономическими единицами, OTU (Operational Taxonomic Units).</p> <p>Деревья без корня показывают родственные отношения между анализируемыми последовательностями, но не направление эволюции.</p> <p>После того как мы имеем представление о большой «семье» флавивирусов (род <i>Flavivirus</i>), не лишним будет построить филогенетическое древо, по топологии которого наглядно видны эволюционные расстояния между видами.</p>
23.	<p>Возможности секвенирования ДНК.</p> <p>Ответ:</p> <p>Секвенирование - представляет собой определение нуклеотидной последовательности фрагмента ДНК путем получения серии комплементарных молекул ДНК, различающихся по длине на одно основание. Является последним этапом молекулярного анализа предварительно отобранного, клонированного и протестированного более простыми методами фрагмента ДНК.</p> <p>Существует два основных метода секвенирования; метод Максама-Гилберта (основан на химическом расщеплении ДНК по одному основанию) и метод Сэнгера (дидезокси-метод). Метод Сэнгера более надежен и прост в исполнении, и на практике его используют чаще.</p> <p>Метод Сэнгера или дидезоксисеквенирование основан на синтезе изучаемой цепи ДНК <i>in vitro</i> с остановкой синтеза на заданном основании путем присоединения дидезоксинуклеотида. Дидезоксинуклеотид лишен гидроксильных групп при атомах сахарного кольца не только в 2'-, но и в 3'-положении, что делает его неспособным формировать фосфодиэфирную связь со следующим нуклеотидом.</p> <p>Для проведения секвенирования необходимы:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) секвенирующий праймер (искусственно синтезированная олигонуклеотидная последовательность, комплементарная определенному участку исходной молекулы ДНК), 2) набором из четырех дезоксинуклеотидов dATP, dCTP, dGTP и dTTP, один из которых изотопно меченный 3) один из четырех дидезоксинуклеотидов (ddATP, ddCTP, ddGTP и ddTTP) 4) ДНК-полимераза. <p>Сам метод включает следующие этапы:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) гибридизация изучаемого фрагмента ДНК с праймером 2) ферментативный синтез ДНК

	<p>3) денатурация полученных продуктов формамидом (в результате образуются уникальные различающиеся по длине олигонуклеотидные последовательности, содержащие праймер)</p> <p>4) электрофорез в полиакриламидном геле на четырех дорожках (по числу типов нуклеотидов) и</p> <p>5) анализ результатов на радиоавтографе. На большинстве радиоавтографов можно четко различить 250—350 полос, т.е. прочитать последовательность в 250-350 п.н. Нуклеотидная последовательность на радиоавтографе считывается снизу вверх.</p>
24.	<p>Биологические последовательности.</p> <p>Ответ: Информация баз данных используется в виде выборок. Выборкой называется множество последовательностей, выбранных для исследования из базы данных с помощью определённой процедуры. Накопление информации о последовательностях без обеспечения путей её извлечения делает эту информацию абсолютно бесполезной.</p> <p>Однако, гораздо ценнее получить от системы больше знаний, чем было в нее вложено. Такой принцип получения нового знания может привести к биологическим открытиям. Исследователи могут совершать такого рода открытия либо обнаруживая новые отношения между различными элементами информационного содержания (которые ранее не могли быть выявлены в силу того, что эти элементы вносились в базу данных по отдельности), либо проводя над этими элементами вычисления, открывающие новое прочтение записей.</p> <p>В модели данных NCBI акцент поставлен на поощрении такого рода открытий; это означает, что данные должны быть описаны таким образом, чтобы было возможно легко устанавливать отношения и проводить вычисления.</p> <p>NCBI использует четыре основных элемента данных:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) библиографические ссылки; 2) последовательности ДНК; 3) последовательности белков; 4) пространственные структуры.
25.	<p>Выравнивания последовательностей.</p> <p>Ответ: Выравнивания последовательностей описывают отношения биологических последовательностей путём указания взаимно соответствующих частей этих последовательностей. Такое соответствие может отразить эволюционную консервативность, структурное подобие, функциональное подобие или случайное событие.</p> <p>Глобальное совпадение – это выравнивание всей последовательности относительно другой последовательности.</p> <p><i>And.--so,.from.hour.to.hour,.we.ripe.and.ripe</i></p> <p> </p> <p><i>And.then,.from.hour.to.hour,.we.rot-.and.rot-</i></p> <p>Здесь символом " " обозначены соответствия, "пробелы" обозначают несоответствия, "-" обозначает те вставки (инсерции, от англ. insertion) и удаления (делеции, от англ. deletion), которые необходимо сделать в обеих последовательностях, чтобы достичь максимального количества соответствий.</p> <p>Локальное совпадение – это поиск части последовательности, которая совпадает с частью другой последовательности.</p> <p><i>My.care.is.loss.of.care,.by.old.care.done,</i></p> <p> </p> <p><i>Your.care.is.gain.of.care,.by.new.care.won</i></p> <p>Для локального совпадения выступающие концы не рассматриваются как пропуски (делеции). В дополнение к несовпадениям, видимым в данном примере, возможны также вставки и удаления внутри совпадающей части.</p> <p>• Поиск мотивов совпадения – это поиск совпадения короткой последовательности в одном или более отрезках длинной последовательности. В этом случае допускается несовпадение одного символа. Можно также потребовать полного совпадения, либо допустить большее число несовпадений или даже пропусков.</p> <p>Множественное выравнивание – это взаимное выравнивание многих последовательностей.</p>
26.	Выравнивание последовательностей в MAFFT.

	<p>Ответ: Одна из наиболее часто встречающихся в биоинформатике задач — задача выравнивания биологических последовательностей.</p> <p>Выравнивание последовательностей — взаимное размещение последовательностей ДНК, РНК, и белков для того, чтобы увидеть места схожести, которые могут быть следствием функциональных, структурных или эволюционных взаимосвязей между этими последовательностями.</p> <p>Различают два вида выравнивания: парное, когда выравниваются две последовательности и множественное, когда этих последовательностей несколько.</p>
27.	<p>База данных BLAST (Basic Linear Alignment Sequence Tool).</p> <p>Ответ:</p> <p>Мощным инструментом для поиска последовательностей в базах данных, по имеющейся у нас последовательности, является программа BLAST (Basic Linear Alignment Sequence Tool), которую можно использовать с сайта NCBI.</p> <p>Она включает:</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>nucleotide blast</i> – поиск данной последовательности нуклеотидов в базах данных нуклеиновых кислот используя алгоритмы <i>blastn</i>, <i>megablast</i>, <i>dmegablast</i> (<i>discontiguous megablast</i>); • <i>protein blast</i> – поиск данной аминокислотной последовательности в базах данных белков используя алгоритмы <i>blastp</i>, <i>psi-blast</i>, <i>phi-blast</i>; • <i>blastx</i> – переводит изучаемую нуклеотидную последовательность в кодируемые аминокислоты, а затем сравнивает её с имеющейся базой данных аминокислотных последовательностей белков; • <i>tblastn</i> – изучаемая аминокислотная последовательность сравнивается с транслированными последовательностями базы данных секвенированных нуклеиновых кислот; • <i>tblastx</i> – сравнивает транскрибированную нуклеотидную последовательность с транслированными последовательностями базы данных секвенированных нуклеиновых кислот.
28.	<p>Базы данных нуклеотидных последовательностей. Приведите пример</p> <p>Ответ:</p> <p>Нуклеотидные БД – это хранилища, принимающие данные от научного сообщества и представляющие их широкой общественности. Различные БД отличаются по источнику последовательностей, их надежности, широте аннотирования и т.д. В идеале БД должна содержать все известные последовательности.</p> <p><i>The International Nucleotide Sequence Database Collaboration</i> – совместный проект EMBL-Bank в Европейском Институте Биоинформатики (EBI), японского банка данных ДНК (DDBJ) в Центре Информационной Биологии (CIB) и GenBank в Национальном Центре Биотехнологической Информации (NCBI).</p>
29.	<p>База данных GenBank.</p> <p>Ответ:</p> <p>Открытая БД нуклеотидных последовательностей, учреждена в 1982 г. 2017: > 300 000 организмов, ~ 203 млн. последовательностей, ~ 240 млрд. пар оснований</p>
30.	<p>Где хранится список последовательностей всех генов человека?</p> <p>Ответ:</p> <p><i>RefSeq – is a reference sequence database</i></p>
31.	<p>Крупнейшие и важнейшие биологические базы данных</p> <p>Ответ:</p> <p><i>GenBank</i> http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/ — база данных первичных структур ДНК и аминокислотных последовательностей.</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Protein Data Bank</i> http://www.pdb.org - банк данных пространственных структур белков и нуклеиновых кислот • <i>PubMed</i> http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/ - база данных статей по биологии и медицине
32.	<p>Банк данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот</p> <p>Ответ:</p> <p><i>Protein Data Bank</i> был основан еще в 1971 году Уолтером Гамильтоном в национальной лаборатории Брукхауэна он наполняется данными о пространственной структуре белков и нуклеиновых кислот, полученными с помощью рентгеновской кристаллографии или ЯМР — спектроскопии.</p>
33.	<p>UCSF Chimera и формат PDB.</p>

	<p>Ответ: Программный пакет UCSF Chimera — популярное средство для визуализации и анализа пространственных структур белковых молекул, разработанное в Калифорнийском университете Сан-Франциско. Программа распространяется бесплатно и доступна для всех распространенных операционных систем — от Windows до Linux.</p>
34.	<p>Редактор JalView и FASTA – формат. Ответ: Редактор JalView (Java ALigned VIEWer) предназначен для ручного и полуавтоматического парного и множественного выравнивания последовательностей. Создан он в университете Данди, Шотландия. Как и для UCSF Chimera, для полного раскрытия функциональности программы нужно подключить к сети Интернет.</p>
35.	<p>Скрининг с кластеризацией. Ответ: Этот сервис позволяет просмотреть большее количество не повторяющихся последовательностей, которые по степени сходства разбиваются на кластеры.</p>
36.	<p>Построение филогенетического дерева. Ответ: Порядок построения филогенетического дерева: 1. Вернемся к выполненному запросу со скрининга по гомологии (GenBank), для этого удобно перейти по ссылке из письма о готовом задании, хранящемся у вас в электронной почте. 2. На странице с результатами выберите любые понравившиеся вам строки списка с неповторяющимися названиями вируса. Для того чтобы выбрать строку из списка, поставьте галочку, соответствующую этой строке. 3. Когда вы выберете все интересующие вас последовательности чтобы построить филогенетическое дерево щелкните внизу на кнопку «Множественное выравнивание». Так вы сможете воспользоваться сервисом который выравнивает заданный набор последовательностей, то есть расставляет гэпы так чтобы похожие участки в разных последовательностях находились одни под другим. Для выполнения выравнивания нажмите на кнопку «рассчитать» с теми последовательностями во входной форме, которые туда были внесены когда вы перешли со страницы с результатами скрининга.; 4. После того как последовательности будут выровнены, щелкните внизу страницы с результатом выравнивания на ссылку «Перейти к филогенетическому анализу» 5. Через встроенную на сайте систему автоматических переходов (которые по английски называются pipelines) сформированный вами запрос перенаправляется на сервис Филогенетический анализ, здесь вы можете выбрать метод анализа и скопировать «Рассчитать». 6. Результат построения филогенетического дерева появляется практически мгновенно и вы сможете оценить эволюционные расстояния внутри выбранной вами группы вирусов и топологию построенного дерева.</p>
37.	<p>Предсказание структуры белков и белковая инженерия Ответ: Аминокислотная последовательность (первичная структура) белка определяет его пространственную структуру. Если поместить белок в подходящие условия, например, такие, которые есть в цитозоле клетки, то он восстанавливает свое нативное активное состояние – происходит самопроизвольный фолдинг белка. Некоторые белки для правильного сворачивания нуждаются в помощи специальных белков – шаперонов. Но это просто ускоряет процесс, а не направляет его. Если аминокислотная последовательность содержит достаточно информации для определения её собственной пространственной структуры, то должна существовать возможность создать алгоритм предсказания пространственной структуры по последовательности.</p>
38.	<p>Картирование генома. Ответ: Генетические карты сцепления определяют хромосомную принадлежность и взаимное расположение генетических маркеров относительно друг друга. Картирование в узком смысле – определение положения гена или мутации в хромосоме. Позднее этот термин получил более широкое толкование. Он относится не только к гену, но к любому маркеру, под которым подразумевают ген, мутацию, участок ДНК с неопределенной</p>

	<i>функцией, точку расщепления ДНК рестриктазами. Таким образом, маркер – это любой наследуемый признак, доступный идентификации тем или иным способом. Установление локализации какого-либо маркера позволяет использовать его для определения положения другого маркера. На практике именно генетические карты сцепления позволяют локализовать сложные генетические маркеры (например, ассоциированные симптомами заболевания) на первых этапах исследования и дают возможность их дальнейшего изучения.</i>
39.	Способы измерения генетического расстояния. <i>Ответ: «Существует несколько формальных способов измерения генетического расстояния. Среди них стоит выделить следующие. 1. Индекс фиксации. Это общепринятый метод определения генетического расстояния. Он принимает минимальное значение 0 и максимальное 1. Значение 0 говорит о генетической идентичности, а величина 1 говорит о том, что две популяции являются разными видами. 2. Стандартное генетическое расстояние Нэя. Этот метод определения генетического расстояния основан на предположении того, что генетическая разница возникает за счет мутаций и генетического дрейфа. 1. Метод предложил Масатоси Нэй в 1972 г. Согласно этой концепции, новый вид возникает в результате дифференциации любой популяции, относящейся к нему; точнее говоря, происходит постепенная дивергенция на уровне генофонда в этой популяции и вида в целом.</i>
40.	Генная терапия. <i>Ответ: Если ген пропущен или имеет дефект, то было бы желательно заменять его нормальным геном или хотя бы повысить уровень его экспрессии – увеличивать концентрацию его продукта. И наоборот, если ген гиперактивен, бы желательно уметь выключать его.</i> <i>Простое введение белков помогает при многих заболеваниях, из которых, наверное, наиболее известными примерами являются введение инсулина больным сахарным диабетом и введение фактора VIII при общей форме гемофилии.</i> <i>Пересадка генов была успешно проделана в опытах над животными: человеческие белки продуцировались в молоке коров и овец. У пациентов, страдающих кистозным фиброзом, генная заместительная терапия с использованием аденовируса дала обнадеживающие результаты. Способ блокирования генов называется антисмысловая терапия. Идея заключается во введении ДНК или РНК, которые особым образом связываются с определённым участком гена. Присоединение к эндогенной ДНК может препятствовать транскрипции; присоединение к мРНК может препятствовать трансляции. У антисмысловой терапии есть определённые успехи в лечении таких заболеваний, как, например, цитомегаловирусный колит и болезнь Крона.</i> <i>Антисмысловая терапия также весьма привлекательна тем, что может оказывать непосредственное действие на синтез мишени и позволяет быстро пройти стадии разработки лекарственного препарата.</i>

Критерии и шкалы оценки:

Оценка **«отлично»** выставляется обучающемуся, если: он глубоко и прочно усвоил программный материал курса, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, умеет тесно увязывать теорию с практикой, свободно справляется с задачами и вопросами, причем не затрудняется с ответами при видоизменении заданий, правильно обосновывает принятые решения, владеет разносторонними навыками и приемами выполнения практических задач.

Оценка **«хорошо»** выставляется обучающемуся, если: он твердо знает материал курса, грамотно и по существу излагает его, не допуская существенных неточностей в ответе на вопрос, правильно применяет теоретические положения при решении практических вопросов и задач, владеет необходимыми навыками и приемами их выполнения.

Оценка **«удовлетворительно»** выставляется обучающемуся, если: он имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, испытывает затруднения при выполнении практических задач;

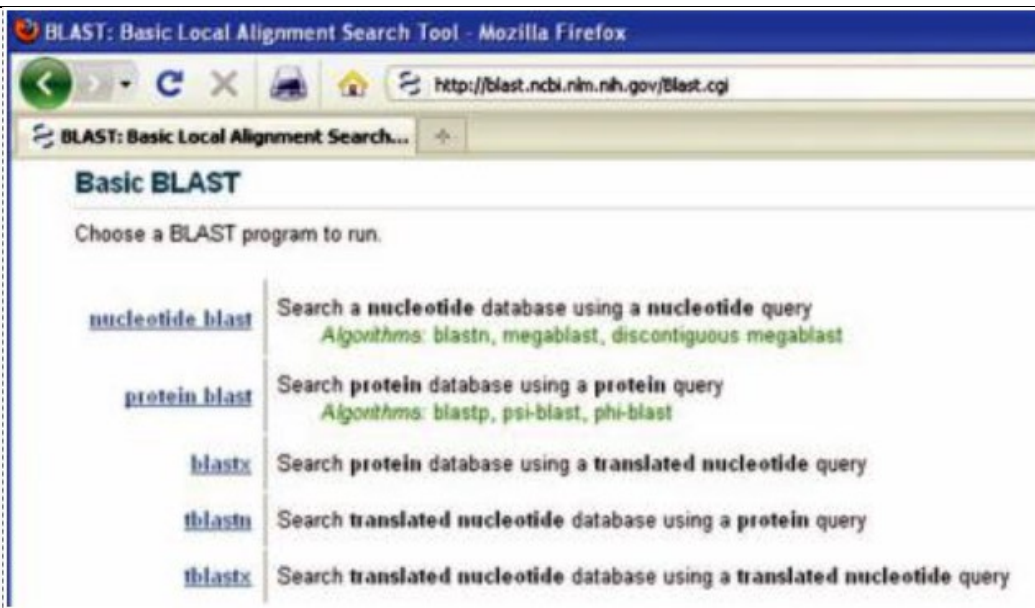
Оценка «неудовлетворительно» выставляется обучающемуся, если: он не знает значительной части программного материала, допускает существенные ошибки, неуверенно, с большими затруднениями решает практические задачи или не справляется с ними самостоятельно.

3.3 Собеседование (задания для лабораторных и практических работ)

3.3.1 ОПК – 6 Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок

Номер вопроса	Текст вопроса
41.	Найдите на ресурсе European Bioinformatics Institute (www.ebi.ac.uk) все возможные нуклеотидные последовательности ДНК по своему объекту по генам <i>gbcL</i> , <i>atpA</i> , <i>atpB</i> , <i>matK</i> , <i>rps4</i> , <i>trnL</i> . Сохраните их в формате *.txt (рекомендую воспользоваться блокнотом) и загрузите в папку с соответствующим названием (помним, что для загрузки необходимо файлы упаковать в zip-архив).
42.	<p>Карты распространения и изображения ваших объектов (с координатами, с сеткой); информация об объектах вашего исследования (страны, коллекции)</p> <p>Пример: Получить в формате *.jpg (сохраняете вначале в формате *.png, затем переводите в *.jpg с помощью графических программ) карту распространения точечную (по координатам). Графический файл назвать, как видовое название вашего объекта, добавив «_map»: <i>Pteris_finotii_map.jpg</i>. 2. Сохранить в папку 3-5 изображений объекта в природе (в случае отсутствия 5-10 изображений в коллекции). Графический файл назвать, как видовое название вашего объекта, добавив «_iso_1, _iso_2»: <i>Pteris_finotii_iso_1_M.Fisher.jpg</i>. (не забудьте авторство фотографий!). 3. Подготовить текстовые списки: страны распространения на русском языке (через «;»); названия коллекций, где хранятся материалы, на англ. языке. 4. Сохранить карту распространения сетчатую (по кластерам) в формате *.jpg (сохраняете вначале в формате *.png, затем переводите в *.jpg). Графический файл назвать, как видовое название вашего объекта, добавив «_map_s»: <i>Pteris_finotii_map_s.jpg</i>.</p>
43.	<p>Построение филогенетических деревьев живых организмов с помощью специализированной программы MEGA. Понятие эволюционного дерева (дерево жизни), этапы создания.</p> <p>Пример: В программе "MEGA-X" подготовить файл-сессию по каждому из генов с расширением *.mas. В названии файла указываете свою фамилию, например «<i>Pteris_finitti_vaganov_trnL.mas</i>». После, загружаете все ваши файлы с расширением *.mas в папку с соответствующим геном.</p>
44.	<p>Пользуясь результатом, выданным нам в поиске по GenBank найдите в Protein Data Bank информацию о других трехмерных моделях нашей протеазы.</p> <p>Пример: Откроем сайт www.pdb.org и попробуем отыскать там информацию о нашей последовательности, ведь если она есть — значит для этой последовательности есть трехмерная структура. Введем идентификатор в строке поиска и получим полную информацию.</p>
45.	<p>Найдите, как в тексте формата PDB кодируется вторая цепь аминокислот.</p> <p>Пояснение: Структура представления данных в модели достаточно проста - первый столбик обозначает, что речь идет об атоме, далее следует его порядковый номер, далее номенклатура атомов в аминокислоте, сама аминокислота (GLY, SER, HIS...), имя цепи, порядковый номер аминокислоты в цепи, пространственные координаты этого атома и другая информация, однозначно характеризующая его положение и свойства, подробнее можно посмотреть в Интернете по адресу http://www.wwpdb.org/documentation/format32/v3.2.html</p>

46.	<p>Сохраните вторую последовательность в другой FASTA-файл. Найдите как кодируются в формате FASTA несколько биологических последовательностей, сохраните две наших последовательности в один FASTA-файл.</p> <p>Пояснение: Теперь сохраним цепи. Выделим верхнюю цепь, щелкнем правой кнопкой мыши Selection/Out to text box/FASTA (выделение — вывод в текстовое поле/формат FASTA) В первой его строчке, после знака > идет название последовательности, здесь чаще всего пишется база, из которой получена последовательность и код этой последовательности в базе. Потом же идет сама биологическая последовательность, она может быть аминокислотной или генетической. Сохранить данные на диск можно традиционным образом, через File/Save.</p>
47.	<p>Используя идентификационный номер (accession number) AAF82240.2 определить биологическую последовательность и произвести молекулярно-биологическое исследование, в результате которого будет создана пространственная структура белка.</p> <p>Пояснение: На первом шаге работы необходимо зайти в международную базу данных ncbi genbank, по ссылке http://www.ncbi.nlm.nih.gov/, в поле ввода ввести AAF82240.2 выбрать базу данных нуклеотидных последовательностей и щелкнуть по Search (поиск). Далее следует выбрать мат. пептид, который локализован в полипротеине с 1490 по 2110 позицию, называемый неструктурный белок 3 (product="nonstructural protein 3") с именем (name) - NS3. Выберите мат. пептид NS3 и перейдите по ссылке. После этого на открывшейся странице выберете ссылку на последовательность NS3 в формате FASTA и на открывшейся странице скопируйте текст последовательности в текстовый файл.</p>
48.	<p>Проведите анализ вирусного белка NS3 с помощью веб-сервиса bri-shur.</p> <p>Пояснение: Загрузить главную страницу www.bri-shur.com, при необходимости переключить интерфейс на русский язык</p>
49.	<p>Проведите скрининг по гомологии (GenBank), то есть попытайтесь найти среди всех известных последовательностей белков, которые собраны в международном банке данных GenBank, те последовательности белков, которые имеют родство (гомологию) с нашей заданной последовательностью.</p> <p>Пояснение:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Выберите из списка сервисов скрининг по гомологии (GenBank) и перейдите по ссылке. 2. Напишите адрес своей электронной почты в поле Email 3. В поле «Наименование задания» напишите идентификационное имя задания, например ns3. 4. Возьмите исследуемую последовательность белка NS3 (только аминокислоты, без идентификатора и описания) и вставьте в поле «Последовательность» 5. Для уменьшения времени расчетов воспользуемся следующими параметрами: Критерий отбора — сходство по всей длине, точность поиска — жесткий, количество последовательностей в полученном результате — 100, 6. Поставьте галочку и напишем слово virus в поле ввода параметра «сначала отобрать по ключевому слову (словам)», это позволит найти только последовательности с вирусом (последовательности с ключевым словом virus в описании). 7. Скомандуем «Рассчитать» 8. В самом письме вы увидите две ссылки, одна ссылка на страницу с вашим заданием и выбранными вами параметрами, вторая ссылка на страницу с результатом вашего запроса. 9. Если по какой-то причине система письменного оповещения недоступна или не работает, всегда есть возможность обновить страницу вашего запроса на www.bri-shur.com и после завершения задачи, вы увидите страницу с результатом.
50.	<p>Дайте пояснение по веб-странице программы BLAST.</p>



Пояснение:

megablast – быстрое сравнение с целью поиска высоко сходных последовательностей;
d megablast – быстрое сравнение с целью поиска дивергировавших последовательностей, обладающих незначительным сходством;
blastn – медленное сравнение с целью поиска всех сходных нуклеотидных последовательностей;
blastp – медленное сравнение с целью поиска всех сходных белковых (protein) последовательностей;
psi-blast – Position-Specific Iterated BLAST – сравнение с целью поиска последовательностей, обладающих незначительным сходством;
phi-blast – Pattern Hit Initiated BLAST – поиск белков, содержащих определённый пользователем паттерн.
Паттерн – (от англ. pattern – образец, шаблон, модель) – это либо фрагмент последовательности, либо (реже) некий стандартный набор процедур, применяемый к разным объектам.

51. Делайте выводы по последовательности после выравнивая полипептидного остова лизоцима (из белка куриного яйца) и α-лактальбумина (павиана).

```

sp|P00698|LYSC_CHICK      MRSLLILVLCFLPLAALGKVFGRCELAAMKPHGLDNVYRGYSLGNWVCAA 50
sp|P12065|LALBA_PAPCY    -----KQFTKCELSQNLV--DIDGYGRIALPELICTH 30
                          * * :***:  :  .:*.  :* : :*:

sp|P00698|LYSC_CHICK      KFESNFHTQATHRNTDGSTDYGILQINSRWVCHDGRTPGSRNLCNIPCSA 100
sp|P12065|LALBA_PAPCY    FHTSCYDTQAIVENNE-STEYGLFQISNALUCKSSQSPQSRNICDITCDK 79
                          . *.:*** .*: **:**:*. **:::.* **:*:*.*.

sp|P00698|LYSC_CHICK      LLSSDITASVNCARKIVSDGNMGMAUVAWRNRCKGTDVQAVIRGCRL 147
sp|P12065|LALBA_PAPCY    FLDDDITDDIMCAKKIL-DIKGIDYVIAHKALCT-EKLEQWLCEKE- 123
                          :*.*** .: *****: * :*: *:* : * . .: :* .

```

Пояснение: Выравнивание последовательностей этих двух белков с помощью программы ClustalW2 показало, что их последовательности достаточно близкие (37% идентичных остатков в этих двух последовательностях), и, следовательно, их трёхмерные структуры очень похожи. Каждый белок мог бы послужить в качестве хорошей модели для другого настолько значительно, насколько схожи пространственные трассировки их главных (пептидных) цепей.

52. Три уровня геномной информации.

Ответ: 1) геном хромосом (собственно геном) – генетическая информация, общая для всех клеток организма;
 2) экспрессируемый геном (транскриптом) – та часть генома, которая экспрессируется в клетке на определённой стадии её развития;
 3) протеом – совокупность белковых молекул, взаимодействие которых придаёт клетке её индивидуальные качества.

53.	<p>Как результаты секвенирования могут быть использованы при опознавании с помощью ДНК?</p> <p>Ответ: Опознавание с помощью ДНК: <ul style="list-style-type: none"> •установление личности преступников, ДНК которых может соответствовать вещественным уликам, оставленным на месте преступления; •оправдание людей, ошибочно обвиненных в преступлениях; •установление отцовства и других отношений родства; •выявление биологических видов, находящихся под угрозой исчезновения и вне опасности вымирания; •обнаружение бактерий и других организмов, которые могут загрязнять окружающую среду; •определение соответствия доноров реципиентам при проведении операций по пересадке органов; •определение родословной селекционного семенного материала или племенного скота. </p>
-----	---

Процентная шкала 0-100 %;

85-100% - отлично (лабораторная работа выполнена в установленный срок с использованием рекомендаций преподавателя; показан высокий уровень знания изученного материала по заданной теме, проявлен творческий подход, умение глубоко анализировать проблему и делать обобщающие практико-ориентированные выводы; работа выполнена без ошибок и недочетов или допущено не более одного недочета);

75- 84,99% - хорошо (лабораторная работа выполнена в установленный срок с использованием рекомендаций преподавателя; показан хороший уровень владения изученным материалом по заданной теме, работа выполнена полностью, но допущено в ней: а) не более одной негрубой ошибки и одного недочета; б) или не более двух недочетов);

60-74,99% - удовлетворительно (лабораторная работа выполнена в установленный срок с частичным использованием рекомендаций преподавателя; продемонстрированы минимальные знания по основным темам изученного материала; выполнено не менее половины работы или допущены в ней а) не более двух грубых ошибок, б) не более одной грубой ошибки и одного недочета, в) не более двух-трех негрубых ошибок, г) одна негрубая ошибка и три недочета, д) при отсутствии ошибок, 4-5 недочетов);

0-59,99% - неудовлетворительно (число ошибок и недочетов превосходит норму, при которой может быть выставлена оценка «удовлетворительно» или если правильно выполнено менее половины задания; если обучающийся не приступал к выполнению задания или правильно выполнил не более 10 процентов всех заданий).

3.4 Домашнее задание

3.4.1. ОПК – 6 Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок

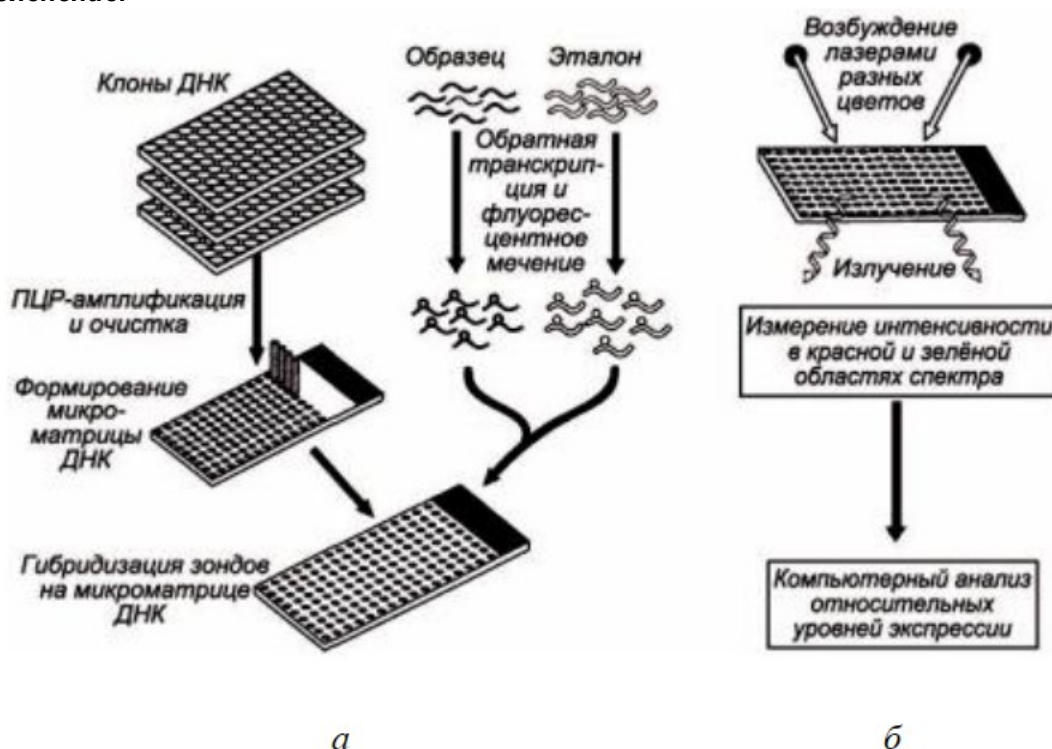
№ задания	Формулировка задания
54.	<p>Проведите конструирование трехмерной структуры вирусного белка NS3.</p> <p>Пояснение: Для этого воспользуемся известным методом моделирования по гомологии, этот метод также называется гомологичное моделирование, либо сравнительное моделирование. Вкратце, суть метода можно описать так: существует база данных экспериментально определенных структур белков. Мы собираемся найти в этой базе структуру белка, который имеет гомологию по первичной последовательности с нашим заданным белком, и на основании найденной гомологии построить трехмерную модель нашего белка.</p>
55.	<p>Проведите исследование функциональных доменов вирусного белка NS3.</p> <p>Пояснение: Определим структурные домены вирусного белка NS3: 1.Для этого зайдите в базу данных белковых семейств Pfam по ссылке</p>

	<p>http://pfam.sanger.ac.uk/search 2. В поле последовательность (Sequence) вставьте последовательность белка NS3. 3. Отправьте запрос, нажав Submit. 4. На обновленной странице вы увидите названия семейства к которому относится искомый белок (Family) и полное название исследуемого вами белка (Description). Проведем картирование структурных доменов белка NS3: 1. Для домена протеазы возьмем границы последовательности с позиции 16 по 173. 2. Для DEAD домена возьмем границы последовательности с позиции 189 по 336. 3. Для домена геликазы возьмем границы последовательности с позиции 379 по 468. 4. Используя предложенные рамки разметим разными цветами функциональные домены белка NS3 в программе Chimera на построенной вами модели.</p>																																															
56.	<p>Получите аминокислотную последовательность панкреатической рибонуклеазы лошади используя приемы выравнивая последовательностей. Пояснение: Используем сервер UniProt (Universal Protein Resource) – для доступа к базам данных EMBL, GenBank, DDBJ и др.: http://www.uniprot.org/. Введем идентификатор Swiss-Prot для панкреатической рибонуклеазы лошади RNP_HORSE в поле поиска (рисунок 12) и нажмём "Search".</p>																																															
57.	<p>Получите одним из изученным методом и выровняйте панкреатические эндонуклеазы лошади (<i>Equus caballus</i>), малого полосатика (<i>Balaenoptera aurostrata</i>) и большого рыжего кенгуру (<i>Macropus rufus</i>). Пояснение: Вводим по очереди идентификаторы Swiss-Prot для панкреатических эндонуклеаз лошади RNAS1_HORSE, малого полосатика RNAS1_BALAC и большого рыжего кенгуру RNAS1_MACRU в окно поиска программы UniProt. Нажимая кнопку "FASTA" в окне результатов, получаем последовательности в формате FASTA.</p>																																															
58.	<p>Два ныне живущих рода слонов представлены африканским слоном (<i>Loxodonta Africana</i>) и индийским слоном (<i>Elephas maximus</i>). Сравните изученными способами аминокислотные последовательности митохондриального цитохрома b этих слонов и ископаемого сибирского шерстистого мамонта (<i>Mammuthus primigenius</i>). Пояснение: Ищем аминокислотные последовательности в UniProt. Найденные идентификаторы в стандарте Swiss-Prot: CYB_LOXAF, CYB_ELEMA, CYB_MAMPR – используем для поиска последовательностей и получения последовательностей в FASTA-формате.</p>																																															
59.	<p>Проведите работу с базами данными и заполните колонку число пар оснований в соответствии с нужным организмом.</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Организм</th> <th>Число пар оснований</th> <th>Число генов</th> <th>Комментарий</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Вирус фХ-174</td> <td></td> <td>10</td> <td>вирус, инфицирующий <i>E. coli</i></td> </tr> <tr> <td>Человеческая митохондрия</td> <td></td> <td>37</td> <td>субклеточная органелла</td> </tr> <tr> <td>Вирус Эпштейна-Барра (EBV)</td> <td></td> <td>80</td> <td>вызывает мононуклеоз</td> </tr> <tr> <td><i>Mycoplasma pneumoniae</i></td> <td></td> <td>680</td> <td>возбудитель эпидемии циклической пневмонии</td> </tr> <tr> <td><i>Rickettsia prowazekii</i></td> <td></td> <td>878</td> <td>бактерия, возбудитель эпидемического тифа</td> </tr> <tr> <td><i>Treponema pallidum</i></td> <td></td> <td>1039</td> <td>бактерия, вызывает сифилис</td> </tr> <tr> <td><i>Borrelia burgdorferi</i></td> <td></td> <td>1738</td> <td>бактерия, вызывает болезнь Лайма</td> </tr> <tr> <td><i>Aquifex aeolicus</i></td> <td></td> <td>1749</td> <td>бактерия из горячих источников</td> </tr> </tbody> </table> <p>Ответ:</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Организм</th> <th>Число пар оснований</th> <th>Число генов</th> <th>Комментарий</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Вирус фХ-174</td> <td>5386</td> <td>10</td> <td>вирус, инфицирующий <i>E. coli</i></td> </tr> </tbody> </table>				Организм	Число пар оснований	Число генов	Комментарий	Вирус фХ-174		10	вирус, инфицирующий <i>E. coli</i>	Человеческая митохондрия		37	субклеточная органелла	Вирус Эпштейна-Барра (EBV)		80	вызывает мононуклеоз	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>		680	возбудитель эпидемии циклической пневмонии	<i>Rickettsia prowazekii</i>		878	бактерия, возбудитель эпидемического тифа	<i>Treponema pallidum</i>		1039	бактерия, вызывает сифилис	<i>Borrelia burgdorferi</i>		1738	бактерия, вызывает болезнь Лайма	<i>Aquifex aeolicus</i>		1749	бактерия из горячих источников	Организм	Число пар оснований	Число генов	Комментарий	Вирус фХ-174	5386	10	вирус, инфицирующий <i>E. coli</i>
Организм	Число пар оснований	Число генов	Комментарий																																													
Вирус фХ-174		10	вирус, инфицирующий <i>E. coli</i>																																													
Человеческая митохондрия		37	субклеточная органелла																																													
Вирус Эпштейна-Барра (EBV)		80	вызывает мононуклеоз																																													
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>		680	возбудитель эпидемии циклической пневмонии																																													
<i>Rickettsia prowazekii</i>		878	бактерия, возбудитель эпидемического тифа																																													
<i>Treponema pallidum</i>		1039	бактерия, вызывает сифилис																																													
<i>Borrelia burgdorferi</i>		1738	бактерия, вызывает болезнь Лайма																																													
<i>Aquifex aeolicus</i>		1749	бактерия из горячих источников																																													
Организм	Число пар оснований	Число генов	Комментарий																																													
Вирус фХ-174	5386	10	вирус, инфицирующий <i>E. coli</i>																																													

Человеческая митохондрия	16569	37	субклеточная органелла
Вирус Эпштейна-Барра (EBV)	172282	80	вызывает мононуклеоз
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	816394	680	возбудитель эпидемии циклической пневмонии
<i>Rickettsia prowazekii</i>	1 111 523	878	бактерия, возбудитель эпидемического тифа
<i>Treponema pallidum</i>	1 138 011	1039	бактерия, вызывает сифилис
<i>Borrelia burgdorferi</i>	1 471 725	1738	бактерия, вызывает болезнь Лайма
<i>Aquifex aeolicus</i>	1 551 335	1749	бактерия из горячих источников

60. Составьте схему измерения дифференциальной экспрессии с помощью микроматрицы ДНК.

Пояснение:



Критерии и шкалы оценки:

- **оценка «зачтено»** выставляется студенту, если домашнее задание является самостоятельным, оригинальным текстом, в котором прослеживается авторская позиция, продуманная система аргументов, а также наличествуют обоснованные выводы; используются термины, понятия по дисциплине, в рамках которой выполняется работа; полностью соответствует выбранной теме, цели и задачам; текст домашнего задания логически выстроен, имеет четкую структуру; работа соответствует всем техническим требованиям; домашнее задание выполнено в установленный срок.

- **оценка «не зачтено»**, выставляется студенту, если домашнее задание не является самостоятельным, оригинальным текстом, в котором не прослеживается авторская позиция, не продумана система аргументов, а также отсутствуют обоснованные выводы; не используются термины, понятия по дисциплине, в рамках которой выполняется работа; не соответствует выбранной теме, цели и задачам; текст домашнего задания композиционно не выстроен; работа не соответствует техническим требованиям; домашнее задание не выполнено в установленный срок.

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

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
ОПК – 6 Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разрабо-ток					
Знать	Основные профессиональные базы данных для работы в области биологии	Изложение основных современных компьютерных технологий, специализированных программ и информационных продуктов	Изложены основных современные компьютерных технологий, специализированных программ и информационных продуктов	Зачтено/ 60-100	Освоена (базовый)
			Не изложены основных современные компьютерных технологий, специализированных программ и информационных продуктов	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	Работать с профессиональными базами данных в области биологии	Применяет современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты	Самостоятельно применены современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не правильно выбраны основные современные компьютерные технологии, специализированные программные и информационные продукты	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Владеть	Домашнее задание	Демонстрация основных методов оформления и представления результатов новых разработок в области компьютерных технологий	Приведена демонстрация основных методов оформления и представления результатов новых разработок в области компьютерных технологий	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не приведена демонстрация основных методов оформления и представления результатов новых разработок в области компьютерных технологий	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)