

МИНОБРНАУКИ РОССИИ
Федеральное государственное бюджетное
образовательное учреждение высшего образования
«Астраханский государственный университет имени В.Н. Татищева»
(Астраханский государственный университет им. В.Н. Татищева)

СОГЛАСОВАНО

Руководитель ОПОП

_____ Ю.В. Батаева

«06» июня 2022 г.

УТВЕРЖДАЮ

Заведующий кафедрой биотехнологии,
зоологии и аквакультуры

_____ Ю.В. Батаева

«10» июня 2022 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Биоинформатика

Составитель(-и)	Магзанова Д.К., к.б.н., доцент
Направление подготовки / специальность	06.04.01 БИОЛОГИЯ
Направленность (профиль) ОПОП	БИОТЕХНОЛОГИЯ
Квалификация (степень)	магистр
Форма обучения	Очно-заочная
Год приема	2022
Курс	1
Семестр	2

Астрахань – 2022

1. ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

1.1. Целями освоения дисциплины (модуля) «Биоинформатика» являются формирование у будущих специалистов знаний и освоение современных компьютерных и теоретических методов анализа структуры генетических макромолекул, которые позволяют изучать основные закономерности и особенности их функционирования и эволюции.

1.2. Задачами освоения дисциплины (модуля):

1. определение специфики компьютерного и теоретического анализа структуры генетических макромолекул;
2. обзор состояния современных методов анализа структур, банков данных и вычислительных ресурсов и программ структурной биологии, обратив особое внимание на их ограничения и особенности интерпретации результатов;
3. изучение основных направлений исследований в области структурной компьютерной биологии, а так же в области молекулярной эволюции белков.

2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ) В СТРУКТУРЕ ОП ВО

2.1. Учебная дисциплина (модуль) «Биоинформатика» относится к части, формируемая участниками образовательных отношений. Данная дисциплина изучается на 1 курсе, 2 семестр.

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины (модуля) необходимы следующие знания, умения, навыки формируемые предшествующими учебными дисциплинами: *«информатикой» «вычислительной молекулярной биологией», «математическими методами в биологии».*

Знание методов и процессов сбора, хранения, обработки, передачи, анализа и оценки информации, обеспечивающих возможность ее использования для принятия решений, методы математического анализа и построения математических моделей в биологии; методы обработки экспериментальных данных, аннотация последовательностей ДНК и белков; предсказание структуры биополимеров; геномика и протеомика; филогенетический анализ молекулярной эволюции.

Умения: работать с компьютерными технологиями, обработки экспериментальных данных

Навыки и (или) опыт деятельности: обработки экспериментальных данных

2.3. Последующие учебные дисциплины (модули) и (или) практики, для которых необходимы знания, умения, навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: *«элементы теории систем»; «молекулярная биология»; «теория эволюции»; «инженерная энзимология»; «введение в системную биологию».*

Программа дисциплины «Биоинформатика» предусматривает освоение ряда тем и вопросов, позволяющих сформировать знания, умения и навыки, которые являются базовыми для последующего освоения перечисленных дисциплин: анализ генетических последовательностей и аннотация геномов; компьютерные методы анализа вторичной структуры РНК; методы и алгоритмы сравнительного анализа белковых структур; вычислительная эволюционная биология и оценка биологического разнообразия.

В процессе последующего освоения вышеперечисленных дисциплин компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины «Биоинформатика», получают свое дальнейшее уточнение и/или развитие.

3. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ)

Процесс изучения дисциплины направлен на формирование элементов следующих компетенций в соответствии с ФГОС ВПО и ОП ВО по данному направлению подготовки

(специальности):

Таблица 1. Декомпозиция результатов обучения

Код и наименование компетенции	Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю)		
	Знать	Уметь	Владеть
ПК-1 - Готов к планированию, организации и проведению научно-исследовательских работ в области биотехнологии, интерпретации и представлению результатов	ПК-1.1. знать принципы постановки задач и алгоритма проведения биотехнологического исследования, основные методы обработки результатов биологического эксперимента с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств;	ПК-1.2. уметь самостоятельно подбирать методику анализа биологических объектов, исходя из поставленных задач; применять основные методы обработки результатов эксперимента и современные аппаратуры и вычислительные средства, исходя из поставленной цели;	ПК-1.3. владеть основными экспериментальными методами работы с микроорганизмами, растениями, клеточными культурами животных и растений, ферментами и другими биологическими объектами в соответствии с поставленными целями; ПК-1.4. владеть навыками работы с современной аппаратурой и вычислительными средствами для обработки данных биотехнологического исследования и предоставления научно достоверных результатов.
ПК-3 – Способен использовать знание нормативных документов, регламентирующих организацию проведения биотехнологических работ, контролировать биотехнологические процессы в соответствии с направлением работы	ПК-3.1. знать нормативную документацию, регламентирующую проведение биотехнологических работ;	ПК-3.2. уметь самостоятельно планировать и контролировать биотехнологический процесс, разрабатывать научно-техническую документацию и технологические регламенты на производство биотехнологической продукции;	ПК-3.3. владеть методическими основами выполнения биотехнологических работ, использования современного оборудования и вычислительных комплексов.

4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Объем дисциплины (модуля) в зачетных единицах (**3 зачетных единиц**) с указанием количества академических или астрономических часов, выделенных на контактную работу обучающихся с преподавателем - 14 часов (из них 14 часов практическая работа) и на самостоятельную работу обучающихся составляет: 94 часа

Таблица 2 - Структура и содержание дисциплины (модуля)

№ п/п	Раздел, тема дисциплины (модуля)	Семестр	Контактная работа в часах			Самостоятел. работа		Формы текущего контроля успеваемости, Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
			Л	ЛР	ПЗ	КР	СР	
1	Введение в биоинформатику. Компьютерные программы по биоинформатике.	2			2		15	Ролевая игра Ответы на задачи
2	Архивы и базы данных.	2			2		16	Круглый стол Ответы на задачи
3	Анализ генетических последовательностей и аннотация геномов.	2			3		16	Круглый стол Ответы на задачи
4	Генетический анализ и эволюция геномов	2			3		16	Ответы на задачи
5	Выравнивания и филогенетические деревья	2			2		16	Круглый стол Ответы на задачи
6	Структура белков и конструирование лекарственных препаратов	2			2		15	Круглый стол Ответы на задачи
	ИТОГО				14		94	

Таблица 3 - Матрица соотношения разделов, тем учебной дисциплины (модуля) и формируемых компетенций

Раздел, тема дисциплины (модуля)	Кол-во часов	Код компетенции		Σ общее количество компетенции
		ПК-1	ПК-3	
Тема 1. Введение в биоинформатику. Компьютерные программы по биоинформатике.	17	+	+	2
Тема 2. Архивы и базы данных.	18	+	+	2
Тема 3. Анализ генетических последовательностей и аннотация геномов.	19	+	+	2
Тема 4. Генетический анализ и эволюция геномов	19	+	+	2
Тема 5. Выравнивания и филогенетические деревья	18	+	+	2
Тема 6. Структура белков и конструирование лекарственных препаратов	17	+	+	2

Краткое содержание каждой темы дисциплины (модуля)

Тема 1. Введение в биоинформатику. Компьютерные программы по биоинформатике.

История биоинформатики и основные исторические даты в проекте «Геном человека». Основные и второстепенные догмы биоинформатики. Архивы данных и доступ к ним: архивные банки данных, содержащие первичную биологическую информацию; производные банки данных; библиографические банки данных; банки данных Web-сайтов. Электронные публикации. Программирование в биоинформатике. Использование последовательностей для определения филогенетических взаимосвязей.

Тема 2. Архивы и базы данных.

Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот. Ген ингибитора бычьего панкреатического трипсина (последовательность ДНК из базы данных EMBL). Геномные базы данных. Базы данных белковых последовательностей: базы данных, близкие SWISS-PROT; PIR и связанные с ним базы данных. Базы данных структур: индикаторы качества структуры, классификации белковых структур. Специализированные, или локальные, базы данных. Базы данных по экспрессии и протеомике. Банки данных метаболических путей. ENTREZ: база данных белков, банк данных нуклеотидных последовательностей, банк данных геномов, банк данных структур. Интерактивный каталог «Менделеевская наследственность человека» (OMIM). Система поиска последовательностей (Sequence Retrieval System, SRS). Ресурс идентификации протеинов (Protein Identification Resource, PIR). ExPASy – экспертная система анализа белков. Ресурс Ensembl.

Тема 3. Анализ генетических последовательностей и аннотация геномов.

Отслеживание передачи генетической информации: соответствие между картами, генетические карты высокого разрешения. Геномы прокариот: геном бактерии *Escherichia coli*, геном архея *Methanococcus jannaschii*, геномы наиболее просто организованных организмов *Mycoplasmagenitalium*. Геномы эукариот: геном *Saccharomyces*, геном *Caenorhabditis elegans*, геном *Drosophila melanogaster*, геном *Arabidopsis thaliana*. Геном *Homo sapiens* (геном человека): белок-кодирующие гены, повторяющиеся последовательности, РНК. Олигонуклеотидные полиморфизмы (SNP, СНП).

Тема 4. Генетический анализ и эволюция геномов

Генетическое разнообразие в антропологии: генетическое разнообразие и идентификация личности; генетический анализ одомашнивания крупного рогатого скота.

Тема 5. Выравнивания и филогенетические деревья

Точечные матрицы и выравнивание последовательностей. Мера сходства последовательностей: получение матриц замен, матрицы BLOSUM, взвешивание вставок/делений, расчет выравнивания для двух последовательностей. Алгоритм динамического программирования для построения оптимального парного выравнивания последовательностей. Значимость выравниваний. Множественное выравнивание последовательностей. Связь множественных выравниваний последовательностей и структур. Программы для поиска множественного выравнивания последовательностей по базам данных: профили, PSI-BLAST, скрытые марковские модели (HMM).

Тема 6. Структура белков и конструирование лекарственных препаратов

Совмещение структур и структурные выравнивания. Выравнивание матриц расстояний с помощью программы DALI. Эволюция белковых структур. Классификация структур белков: база данных SCOP. Предсказание и моделирование белковых структур: критическая оценка предсказаний структуры (CASP), предсказание вторичной структуры,

нейронные сети, моделирование по гомологии, распознавание фолда(3D-профили, трединг). Распознавание фолда с CASP 2000. Вычисление конформационной энергии и молекулярная динамика. Программа ROSETTA. Программа LINUS. Определение белковых структур в геномах. Дивергенция функций белков: ортологи и паралоги. Открытие и разработка лекарств: лидерное соединение (Лид), уточнение лида, соотношение структура – активность (QSAR). Компьютерный дизайн лекарств.

5. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ПО ПРЕПОДАВАНИЮ И ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

5.1. Указания для преподавателей по организации и проведению учебных занятий по дисциплине (модулю)

5.2. Указания для обучающихся по освоению дисциплины (модулю)

Таблица 4 - Содержание самостоятельной работы обучающихся

Номер радела (темы)	Темы/вопросы, выносимые на самостоятельное изучение	Кол-во часов	Форма работы
Тема 1.	Всемирная паутина (The World Wide Web). URL. Биологическая классификация и номенклатура.	15	Семинар Реферат
Тема 2.	Библиографические базы данных. Поиск по библиографической базе данных PubMed. Ядерный магнитный резонанс (ЯМР). Обзор баз данных и серверов по молекулярной биологии.	16	Семинар Реферат
Тема 3.	Структура геномов про- и эукариот. Белки. Протеомы. Генетическое картирование. Локализация генов в геноме.	16	Семинар Реферат
Тема 4.	Эволюция геномов: горизонтальный перенос генов; сравнительная геномика эукариот.	16	Семинар Реферат
Тема 5.	Гомология и филогения. Филогенетические деревья: методы кластеризации, кладистические методы, проблема переменной скорости эволюции, вычислительный анализ.	16	Семинар Реферат
Тема 6.	Структура белковой молекулы. Стабильность и сворачивание (фолдинг) белков: графические представления по Сасисекхаран-Рамакришнан-Рамачандран для описания разрешенных конформаций основной цепи; боковые остатки; стабильность и денатурация белков; сворачивание (фолдинг) белков. Применения гидрофобности.	15	Семинар Реферат
Итого		94	

5.3. Виды и формы письменных работ, предусмотренных при освоении дисциплины (модуля), выполняемые обучающимися самостоятельно.

В качестве учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю) «Биоинформатика» предлагаются:

Перечень дискуссионных тем для круглого стола

1. Что ждет человечество, когда в геноме человека не останется «белых пятен»?
2. Проблема быстрого изменения компьютерной сети.
3. Возможности персонифицированной медицины.
4. Значение и развитие геногеографии.

В результате самостоятельной работы каждый студент должен написать *реферат* по выбранной теме. Подготовка реферата подразумевает самостоятельное изучение нескольких литературных источников по определённой теме, не рассматриваемой подробно на лекции, систематизацию материала и его изложение.

Цель написания реферата – привитие навыков краткого и лаконичного представления собранных материалов и фактов в соответствии с требованиями, предъявляемыми к научным отчетам, обзорам и статьям.

Требования к подготовке реферата

Защита реферата – одна из форм проведения устной итоговой аттестации учащихся. Она предполагает предварительное глубокое изучение проблемы по заданной тематике, творческий подход с последующим изложением результатов и выводов.

Объем реферата – 20-25 страниц. Текст оформляется на стандартных листах формата А4, с одной стороны, с обязательной нумерацией страниц. Поля: верхнее и нижнее – 2,5 см; левое – 3 см; правое – 1 см. Страницы прошиваются и сдаются в папке.

Первая страница не нумеруется, оформляется как титульный лист (пример приводится).

На второй странице располагают план реферата. Пункты плана должны раскрывать основное содержание выбранной проблемы.

С третьей страницы начинается само содержание реферата. Во введении (2-3 страницы) необходимо раскрыть важность и значение проблемы, обосновать, почему выбрали именно эту тему, чем она для Вас интересна, определить цель реферата.

Основная часть (17-20 страниц) дает определение и характеристику проблемы, раскрывает основные направления ее развития, разрешения и применения.

В заключении (1-2 страницы) делаются выводы по реферату, выражается свое отношение к проблеме.

На последней странице размещается список использованной литературы, оформленный по требованиям действующего стандарта. Ссылки на использованные источники в тексте реферативной работы в виде номера источника по списку литературы заключаются в квадратные скобки. Для написания реферата необходимо использовать не менее 10 источников.

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«Астраханский государственный университет»

Факультет _____

Кафедра _____

НАЗВАНИЕ РЕФЕРАТА

Реферат по дисциплине
«МИКРОБИОЛОГИЯ ПОЧВ»

Выполнил:

(ФИО)

Проверил:

(ученая степень, ученое звание)

(ФИО)

6. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

6.1. Образовательные технологии

Таблица 5 – Образовательные технологии, используемые при реализации учебных занятий

Раздел, тема, дисциплины (модуля)	Форма учебного занятия		
	лекция	Практическое занятие, семинар	Лабораторная работа
Введение в биоинформатику. Компьютерные программы по биоинформатике.	Не предусмотрено	Семинар	Не предусмотрено
Архивы и базы данных.	Не предусмотрено	Беседа. Тематический конспект	Не предусмотрено
Анализ генетических последовательностей и аннотация геномов.	Не предусмотрено	Семинар	Не предусмотрено
Генетический анализ и эволюция геномов	Не предусмотрено	Семинар- визуализация	Не предусмотрено
Выравнивания и филогенетические деревья	Не предусмотрено	Семинар	Не предусмотрено
Структура белков и конструирование лекарственных препаратов	Не предусмотрено	Реферат	Не предусмотрено

6.2. Информационные технологии

- использование возможностей Интернета в учебном процессе (рассылка заданий, предоставление выполненных работ, ответы на вопросы, ознакомление учащихся с оценками и т.д.);

- использование электронных учебников и различных сайтов (например, электронные библиотеки, журналы и т.д.) как источник информации. Рекомендуемые сайты:

1. Бакинский государственный университет <http://bsu.edu.az/ru/> – Режим доступа свободный, Яз. рус., аз., англ.
2. Биотехнология <http://www.biotechnolog.ru/> – Режим доступа свободный
3. ГосНИИГенетика (Москва) <http://www.genetika.ru/> – Режим доступа свободный
4. Группа геномной инженерии Лаборатории биотехнологии ГУ БПИ ДВО РАН <http://ibss.febras.ru/> – Режим доступа свободный
5. Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева <http://www.enu.kz/ru/> – Режим доступа свободный, Яз. рус, каз, англ,
6. Женевский университет <http://www.unige.ch/> – Режим доступа свободный, Яз. фр, англ.
7. Институт белка РАН (г. Пущино Московской обл.) <http://www.protres.ru/> – Режим доступа свободный
8. Институт биоорганической химии им. М. М. Шемякина и Ю. А. Овчинникова РАН (Москва) <http://www.ibch.ru/> – Режим доступа свободный
9. Институт биофизики СО РАН (Красноярск) <http://www.ibp.ru/> – Режим доступа свободный
10. Институт молекулярной биологии им. Энгельгардта РАН (Москва) <http://www.eimb.ru/> – Режим доступа свободный
11. Институт физико-химической биологии им. Белозерского МГУ (Москва) <http://www.belozersky.msu.ru/> – Режим доступа свободный

12. Институт цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск) <http://www.bionet.nsc.ru/>
13. Интернет-газета «Hum-molgen» <http://hum-molgen.org/> – Режим доступа свободный, Яз. англ.
14. Интернет-журнал «BioMed Central» <http://www.biomedcentral.com/> – Режим доступа свободный, Яз. англ.
15. Интернет-журнал «BioMedNet» <http://www.bmn.com/> – Режим доступа свободный, Яз. англ.
16. Информационно-аналитический сервер по биотехнологии “Remedium.ru” <http://remedium.ru/> – Режим доступа свободный
17. Информационный центр “Bioinform” <http://www.genomeweb.com/newsletter/bioinform> – Режим доступа свободный, Яз. англ.
18. Лаборатория биотехнологии растений Главного ботанического сада им. Н. В. Цицина РАН <http://www.gbsad.ru/main/s-biotekh.php> – Режим доступа свободный
19. Московская ветеринарная академия им. К. И. Скрябина <http://www.mgavm.ru/> – Режим доступа свободный
20. Образовательный интернет-портал Астраханского государственного университета - <http://learn.aspu.ru/> - Режим доступа свободный (с регистрацией)
21. Отдел клеточной биотехнологии и питательных сред со специализированной коллекцией клеточных культур сельскохозяйственных животных <http://www.viev.ru/structure/cell/cell.php> – Режим доступа свободный
22. Проект «Вся биология» <http://sbio.info/> – Режим доступа свободный
23. Российский химико-технический университет им. Д.И. Менделеева - <http://www.muctr.ru/> - Режим доступа свободный
24. Ставропольский государственный аграрный университет <http://www.stgau.ru/> – Режим доступа свободный
25. ФГБУ НИИ по изучению лепры (Астрахань) <http://inlep.ru/> – Режим доступа свободный
26. ФГБУ Россельхозцентр <http://rosselhocenter.com/> – Режим доступа свободный
27. ФГБУН Институт озероведения РАН <http://www.limno.org.ru/> – Режим доступа свободный
28. ЭБС ООО «Политехресурс» «Консультант студента» - <http://www.studentlibrary.ru/> - Режим доступа свободный (с регистрацией)
29. ЭБС ООО «Центр цифровой дистрибуции «КНИГАФОНД» <http://www.knigafund.ru/> - Режим доступа свободный (с регистрацией)
30. Электронная библиотека <http://www.twirpx.com/> - Режим доступа свободный (с регистрацией)
31. Электронная библиотека методических указаний, учебно-методических пособий СПбГТУРП <http://nizrp.narod.ru/kafvse.htm> - Режим доступа свободный

6.3. Программное обеспечение, современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы

6.3.1. Программное обеспечение

Наименование программного обеспечения	Назначение
Adobe Reader	Программа для просмотра электронных документов
Moodle	Образовательный портал ФГБОУ ВО «АГУ»
Mozilla FireFox	Браузер
Microsoft Office 2013, Microsoft Office Project 2013 ,	Офисная программа

Microsoft Office Visio 2013	
Microsoft Windows 7 Professional	Операционная система

6.3.2. Современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы

1. Электронный каталог Научной библиотеки АГУ на базе MARK SQL НПО «Информ-систем». <https://library.asu.edu.ru>
2. Электронный каталог «Научные журналы АГУ»: <http://journal.asu.edu.ru/>
Универсальная справочно-информационная полнотекстовая база данных периодических изданий ООО "ИВИС". <http://dlib.eastview.com>
Имя пользователя: AstrGU
Пароль: AstrGU
3. Электронно-библиотечная система elibrary. <http://elibrary.ru>
4. Корпоративный проект Ассоциации региональных библиотечных консорциумов (АРБИКОН) «Межрегиональная аналитическая роспись статей» (МАРС) - сводная база данных, содержащая полную аналитическую роспись 1800 названий журналов по разным отраслям знаний. Участники проекта предоставляют друг другу электронные копии отсканированных статей из книг, сборников, журналов, содержащихся в фондах их библиотек. <http://mars.arbicon.ru>
5. Электронные версии периодических изданий, размещенные на сайте информационных ресурсов www.polpred.com
6. Справочная правовая система КонсультантПлюс.
Содержится огромный массив справочной правовой информации, российское и региональное законодательство, судебную практику, финансовые и кадровые консультации, консультации для бюджетных организаций, комментарии законодательства, формы документов, проекты нормативных правовых актов, международные правовые акты, правовые акты, технические нормы и правила.
<http://www.consultant.ru>
7. Информационно-правовое обеспечение «Система ГАРАНТ».
В системе ГАРАНТ представлены федеральные и региональные правовые акты, судебная практика, книги, энциклопедии, интерактивные схемы, комментарии ведущих специалистов и материалы известных профессиональных изданий, бланки отчетности и образцы договоров, международные соглашения, проекты законов.
Предоставляет доступ к федеральному и региональному законодательству, комментариям и разъяснениям из ведущих профессиональных СМИ, книгам и обновляемым энциклопедиям, типовым формам документов, судебной практике, международным договорам и другой нормативной информации. Всего в нее включено более 2,5 млн документов. В программе представлены документы более 13 000 федеральных, региональных и местных эмитентов. <http://garant-astrakhan.ru>
8. Единое окно доступа к образовательным ресурсам <http://window.edu.ru>
9. Министерство науки и высшего образования Российской Федерации <https://minobrnauki.gov.ru/>
10. Министерство просвещения Российской Федерации <https://edu.gov.ru>
11. Официальный информационный портал ЕГЭ <http://www.ege.edu.ru>
12. Федеральное агентство по делам молодежи (Росмолодежь) <https://fadm.gov.ru>
13. Федеральная служба по надзору в сфере образования и науки (Рособрнадзор) <http://obrnadzor.gov.ru>
14. Сайт государственной программы Российской Федерации «Доступная среда» <http://zhit-vmeste.ru>
15. Российское движение школьников <https://рдуш.рф>

16. Официальный сайт сетевой академии cisco: www.netacad.com

7. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ)

7.1. Паспорт фонда оценочных средств.

При проведении текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине (модулю) «Биоинформатика» проверяется сформированность у обучающихся компетенций, указанных в разделе 3 настоящей программы. Этапность формирования данных компетенций в процессе освоения образовательной программы определяется последовательным освоением дисциплин (модулей) и прохождением практик, а в процессе освоения дисциплины (модуля) – последовательным достижением результатов освоения содержательно связанных между собой разделов, тем.

Таблица 6 - Соответствие разделов, тем дисциплины (модуля), результатов обучения по дисциплине (модулю) и оценочных средств

№ п/п	Контролируемые разделы дисциплины (модуля)	Код контролируемой компетенции (компетенций)	Наименование оценочного средства
1	Тема 1. Введение в биоинформатику. Компьютерные программы по биоинформатике.	ПК- 1; ПК- 3	Интеллектуальная разминка на лекции.
2	Тема 2. Архивы и базы данных.	ПК- 1; ПК- 3	Вопросы для собеседования Практическое задание для групповой работы
3	Тема 3. Анализ генетических последовательностей и аннотация геномов.	ПК- 1; ПК- 3	Семинар-исследование Рейтинговая контрольная работа №1
4	Тема 4. Генетический анализ и эволюция геномов	ПК- 1; ПК- 3	Лекция-визуализация. Вопросы для собеседования (семинар - развернутая беседа)
5	Тема 5. Выравнивания и филогенетические деревья	ПК- 1; ПК- 3	
6	Тема 6. Структура белков и конструирование лекарственных препаратов	ПК- 1; ПК- 3	

7.2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций, описание шкал оценивания

Таблица 7 - Показатели оценивания результатов обучения в виде знаний

Шкала оценивания	Критерии оценивания
5 «отлично»	— демонстрирует глубокое знание теоретического материала, — умение обоснованно излагать свои мысли по обсуждаемым вопросам, — способность полно, правильно и аргументированно отвечать на вопросы, приводить примеры
4	— демонстрирует знание теоретического материала, его последовательное

«хорошо»	изложение, — способность приводить примеры, — допускает единичные ошибки, исправляемые после замечания преподавателя
3 «удовлетворительно»	— демонстрирует неполное, фрагментарное знание теоретического материала, требующее наводящих вопросов преподавателя, — допускает существенные ошибки в его изложении, — затрудняется в приведении примеров и формулировке выводов
2 «неудовлетворительно»	— демонстрирует существенные пробелы в знании теоретического материала, — не способен его изложить и ответить на наводящие вопросы преподавателя, — не может привести примеры

Таблица 8 - Показатели оценивания результатов обучения в виде умений и владений

Шкала оценивания	Критерии оценивания
5 «отлично»	— демонстрирует способность применять знание теоретического материала при выполнении заданий, — последовательно и правильно выполняет задания, — умеет обоснованно излагать свои мысли и делать необходимые выводы
4 «хорошо»	— демонстрирует способность применять знание теоретического материала при выполнении заданий, — последовательно и правильно выполняет задания, — умеет обоснованно излагать свои мысли и делать необходимые выводы, — допускает единичные ошибки, исправляемые после замечания преподавателя
3 «удовлетворительно»	— демонстрирует отдельные, несистематизированные навыки, — не способен применить знание теоретического материала при выполнении заданий, — испытывает затруднения и допускает ошибки при выполнении заданий, — выполняет задание при подсказке преподавателя, — затрудняется в формулировке выводов
2 «неудовлетворительно»	— не способен правильно выполнить задание

7.3. Контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения по дисциплине (модулю)

Для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины «Биоинформатика» приводятся основные контрольные вопросы:

Перечень вопросов и задания, выносимых на экзамен

- 7 Предмет и задачи биоинформатики
- 8 Парное выравнивание. Виды, авторы алгоритмов, цели, значение
- 9 Вторичные структуры белков, их характеристики и предсказание.
- 10 Локальное выравнивание. Цели, значение. Алгоритм локального выравнивания
- 11 Биоинформатика. Объекты, задачи, методы
- 12 Матрицы сравнения последовательностей
- 13 Основные алгоритмы построения филогенетических деревьев, их достоинства и недостатки

- 14 Биоинформатика и филогенез. Молекулярные часы
- 15 Ультраметрическое и неультраметрическое дерево.
- 16 Редакционное расстояние между двумя последовательностями. Сложность наивного алгоритма его определения
- 17 Множественное выравнивание. Цели, значение.
- 18 Третичная структура белка. Фолдинг
- 19 Предсказание третичной структуры белка.
- 20 Моделирование гомологов. Методы, сервисы
- 21 Динамическое программирование и выравнивание последовательностей
- 22 Классификация белков. Базы данных Pfam, SCOPE, CATN
- 23 Выравнивание и его статистическая достоверность
- 24 Докинг, жесткий докинг Гибкий докинг. Методы и применение
- 25 Экспериментальное определение структуры белка
- 26 Имитационные модели: моделирование по времени и по событиям
- 27 Статистические методы обработки биологической информации
- 28 Проблемы информационного обеспечения фундаментальных и прикладных биологических исследований
- 29 Базы и банки биологических данных
- 30 Геномика: компьютерное картирование генов и геномов
- 31 Методы биоконтроля с позиций биоинформатики
- 32 Планирование и основные методы биологического эксперимента
- 33 Internet как средство профессионального общения и решения задач биологии
- 34 Теоретические модели больших систем (алгебраические, теоретико-множественные, графовые)
- 35 Проведение статистического анализа данных с помощью ПК
- 36 Моделирование реальных систем, процессов и явлений с помощью ПК

В качестве оценочных средств для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины используются задачи по дисциплине.

Комплект задач репродуктивного уровня

Тема 1. Введение в биоинформатику. Компьютерные программы по биоинформатике.

1. Представьте себе, что вы собираетесь подготовить заметку о болезни Хантингтона для интернет-сайта. Какие слова и фразы вы бы сопроводили ссылками?
2. На конце гена β -гемоглобина человека имеется следующая последовательность:
...ctg gcc cac aag tat cac ta
 - a) Какова аминокислотная последовательность, соответствующая представленной?
 - b) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена нуклеотида приводит к «молчащей» мутации в участке («молчащая» мутация оставляет аминокислотную последовательность неизменной).
 - c) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена основания может привести к бессмысленной (миссенс)-мутации в участке, и соответствующую ей аминокислотную.
 - d) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена основания приводит к преждевременной остановке синтеза белка, а также соответствующую ей аминокислотную.
 - e) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена нуклеотида приводит к ошибке терминации и продолжению синтеза цепи.
3. На копии страницы Полного парного выравнивания белка PAX-6 человека и *Drosophila melanogaster eyeless*, отметьте с помощью маркера участки, выравненные PSI-BLASTом.

4. Какое ограничение E-value вы бы использовали в поиске с помощью PSI-BLASTа, если бы вам нужно было узнать, есть ли уже ваша последовательность в банке? Какое ограничение E-value вы бы использовали в поиске с помощью PSI-BLASTа, если бы вам необходимо было найти отдаленных гомологов вашей последовательности?

5. Оцените минимальную длину, необходимую для составления бессмысленной последовательности, чтобы избежать полного соответствия многим случайным последовательностям в геноме человека.

6. Говорят, человеческий род ведет свое начало от всеобщего предка по имени Ева, которая жила примерно 140 000 – 200 000 лет назад. Сколько поколений было между Евой и нашим современником, если считать, что за столетие сменяется 6 поколений? Если бактериальная клетка делится каждые 20 минут, сколько времени понадобится, чтобы бактерии прошли такое же количество поколений?

7. Назовите аминокислоту, чьи физико-химические свойства сходны с (а) лейцином, (б) аспаратом, (в) треонином. Предполагается, что соответствующие замены в большинстве случаев приведут к достаточно небольшому изменению структуры и функций белка. Назовите аминокислоту, чьи физико-химические свойства сильно отличаются от (а) лейцина, (б) аспартата, (в) треонина. Такие замены могут привести к значительному влиянию на структуру и функции белка, особенно если они находятся внутри белковой молекулы.

8. На рис. 1а идет ли цепь от N-конца к C-концу вверх или вниз? На рис. 1б идет ли цепь от N-конца к C-концу вверх или вниз?

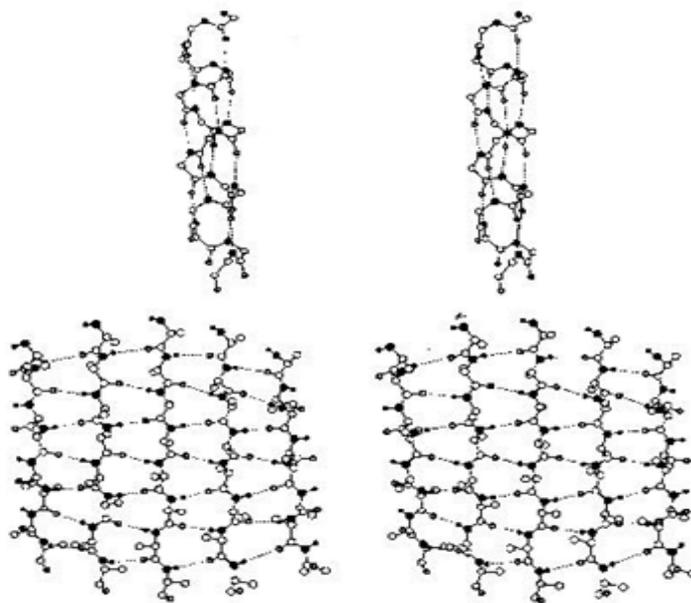


Рисунок 1 . Стандартные вторичные структуры белков. (а) α -спираль, (б) β -лист. Пунктирные линии обозначают водородные связи. (б) иллюстрирует параллельный β -лист, в котором все цепочки направлены в одну сторону. Антипараллельные β -листы, в которых все пары

9. Из рассмотрения рис. 2, сколько раз цепь проходит между доменами Рибосомального протеина L1 *M. jannaschii*?

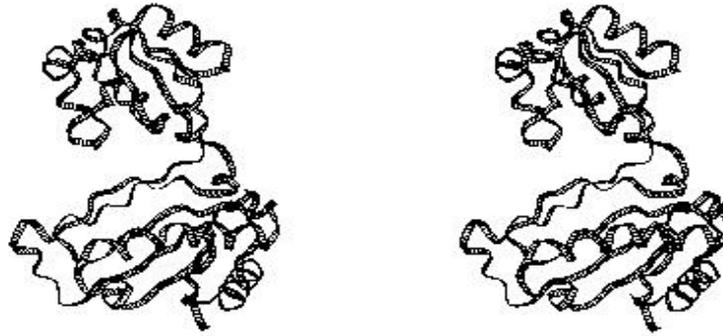


Рисунок 2 . Рибосомный белок L1 из *Methanococcus jannaschii* [1CJS]. ([1CJS] - идентификатор для Protein Data Bank).

10. На копии рис. 3а и 3б обозначьте маркером спирали (красным) и тяжи β -листа (синим). На копии рис. 3в и 3г разбейте белок на домены.

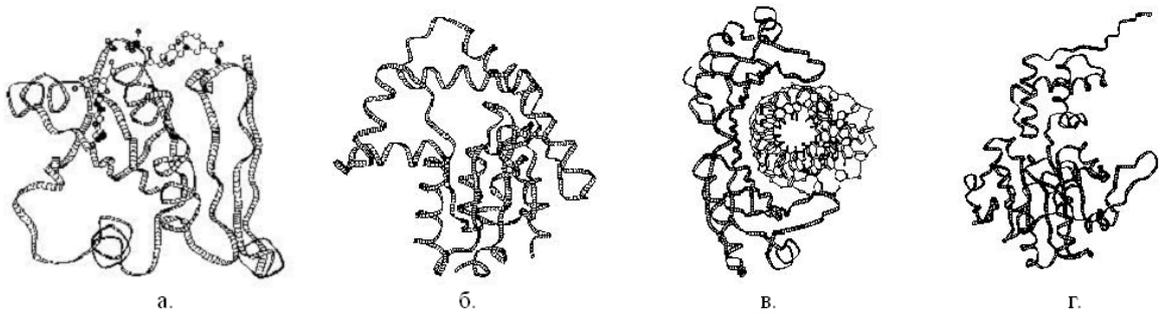


Рисунок 3. Белковые структуры: (а) алкогольдегидрогеназа, NAD-связывающий домен [1EE2]; (б) аденилаткиназа [3ADK]; (в) коровый домен TATA-бокс связывающего белка [1CDW]; (г) метилтрансфераза рецептора хемотаксиса [1AF7].

11. На копии совмещенных структур лизоцима цыпленка и α -лактальбумина бабуина отметьте с помощью маркера два участка, в которых различается конформация главной цепи.

Куриный лизоцим	KVFGRCELAAAMKRNHGLDNYRGYSLGNWVCAAKFESNFNTQATNRNTEGS
α -лактальбумин павлина	KQFTKCELSQLY--DIDGYGRIALFELICTMFHTSGYDTQAIVENH-ES
Куриный лизоцим	TDYGLIQINSRWQNDGRTFGSRNLCNIPCSALLSSDITASVNCARKKIVS
α -лактальбумин павлина	TEYGLFQISNALWCKSSQSPQSRKICDITCDKFLDDDDITDDIMCAKZILD
Куриный лизоцим	DGN-GMKAWVAWRNRCCKGTDVQA-WIRGCRF-
α -лактальбумин павлина	I--KQIDYWIANKALC-TEKL-EQWL--CE-K

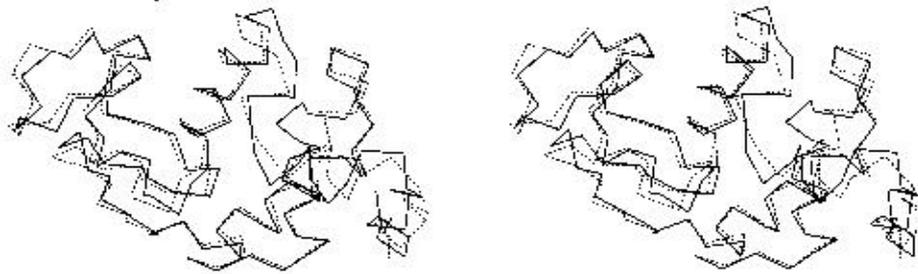


Рисунок 4. Сравнение структуры куриного лизоцима и павлиньего α -лактальбумина. Цвета соответствуют цепи. - Павлин - бел

12. В программе на PERLe на рис. 4 оцените долю текста программы, содержащего комментарии (сосчитайте полные строчки и их половины).

```

#!/usr/bin/perl
#assemble.pl assemble overlapping fragments of strings

# input of fragments
while ($line = <DATA>) {
    chop($line);
    push(@fragments,$line);
}

# now array @fragments contains fragments

# we need two relationships between fragments:
# (1) which fragment shares no prefix with suffix of another fragment
# * This tells us which fragment comes first
# (2) which fragment shares longest suffix with a prefix of another
# * This tells us which fragment follows any fragment

# First set array of prefixes to the default value "noprefixfound".
# Later, change this default value when a prefix is found.
# The one fragment that retains the default value must be seen first.

# Then loop over pairs of fragments to determine maximal overlap.
# This determines successor of each fragment
# Note in passing that if a fragment has a successor then the
# successor must have a prefix

foreach $i (@fragments) {
    $prefix{$i} = "noprefixfound";
}

# for each pair, find longest overlap of one with prefix of the other
# This tells us which fragment FOLLOWS any fragment

foreach $i (@fragments) {
    $longestsuffix = "";
    foreach $j (@fragments) {
        unless ($i eq $j) {
            $combine = $i . "XIX" . $j;
            $combine =~ /(XIX){2,}/;
            if (length($1) > length($longestsuffix)) {
                $longestsuffix = $1;
                $successor{$i} = $j;
            }
        }
    }
}

$prefix{$successor{$i}} = "found";
# if $j follows $i then $j must have a prefix

foreach (@fragments) {
    if ($prefix{$_} eq "noprefixfound") {$outstring = $_;
}

$out = $outstring;
while ($successor{$_}) {
    $out = $successor{$_};
    $outstring = $outstring . "XIX" . $out;
    $outstring =~ s/(XIX){2,}/XIX/;
}

$outstring =~ s/\n/\n/g;
print "$outstring\n";

__END__
the men and women merely players;\n
ode man in his time
All the world's
their entrances,\nand one man
stage,\nand all the men and women
They have their exits and their entrances,\n
world's a stage,\nand all
their entrances,\nand one man
in his time plays many parts.
merely players;\nThey have

```

13. Измените программу на PERLe, которая вытаскивает имена видов из выдачи PSI-BLAST, так, чтобы она понимала также и имена в виде [D. melanogaster].

14. Ниже представлено множественное выравнивание участков последовательностей из семейства белков, называемого ETS-доменами. Каждая строчка соответствует аминокислотной последовательности из одного белка, обозначенной как последовательность букв, соответствующих аминокислотам. Просматривая одну колонку, можно определить аминокислоту, которая появляется на этой позиции в каждом из белков семейства.

позиции в каждом из белков семейства.

```
TYLWEFLLKLLQDR.EYCPRFIKWTNREKGVFKLV.DSKAVSRLWGMHKN.KPD
VQLWQFLLLEILTD.CENIDVIEWVG.TEGEFKLT.DPDRVARLWGEKKN.KPA
IQLWQFLLLELLTD.KDARDCISWVG.DEGEFKLN.QPELVAQKWGQRKN.KPT
IQLWQFLLLELLSD.SSNSSCITWEG.TNGEFKMT.DPDEVARRWGERKS.KPN
IQLWQFLLLELLTD.KSCQSFISWTG.DGWEFKLS.DPDEVARRWGRKN.KPK
IQLWQFLLLELLQD.GARSSCIRWTG.NSREFQLC.DPKEVARLWGERKH.KPG
IQLWHFILELLQK.EEFRHVIAWQQGEYGEFVIK.DPDEVARLWGRKRC.KPQ
VTLWQFLLQLLRE.QGNCHIISWTSRDGGEFKLV.DAEVARLWGLAKN.KTN
ITLWQFLLHLLLD.QKHEELICWTS.NDGEFKLL.KAEVARLWGLAKN.KTN
LQLWQFLVALLD.PTNAEFTAWTG.RGMEFKLI.EPEVARLWGIQKN.RPA
IHLWQFLKELLASP.QVNGTAIRWIDRSKGIFKIE.DSVRVAKLWGRKKN.RPA
RLLWDFLQQLLNDRNQKYSDLIAWKCRDTGVFKIV.DPAGLAKLWGIQKN.HLS
RLLWDYVYQLLSD.SRYENFIRWEDKESKIFRIV.DPNGLARLWGNHKN.RTN
IRLYQFLDLLRS.GDMKDSIWWVDKDKGTFQFSSKHKEALAHWGIQKGNRKK
RRLYQFLGLLTR.GDMRECVWVVEPGAGVVFQFSSKHKELLARRWQQKGNRKK
```

Выполните следующие задания в вашей персональной копии этой

Выполните следующие задания:

а) С помощью маркеров обозначьте в каждой последовательности разными цветами остатки, принадлежащие к разным классам

Маленькие остатки – G A S T

Неполярные остатки среднего размера - C P V I L

Большие неполярные остатки - F Y M W

Полярные остатки - H N Q

Положительно заряженные остатки - K R

Отрицательно заряженные остатки - D E

б) Для каждой позиции, в которой находится одна и та же аминокислота в каждой последовательности, поставьте внизу колонки большую букву, соответствующую этому остатку. Для каждой позиции, в которой одна и та же аминокислота встречается во всех последовательностях, кроме одной, поставьте внизу колонки маленькую букву, соответствующую наиболее предпочтительному остатку.

с) Что представляют собой паттерны периодичности консервативных аминокислот?

д) Какое распределение консервативности заряженных остатков вы наблюдаете?

Предложите разумную гипотезу, с какой молекулой взаимодействуют эти домены.

15. Объедините структуры, представленные на рис. 5. В следующие категории: α -спиральные, β -листовые, $\alpha+\beta$, α/β линейные, α/β -бочонки, с небольшой вторичной структурой.

16. Определите Web-сайты, дающие простые объяснения и/или он-лайн демонстрации (а) полимеразной цепной реакции (ПЦР), (б) блота по Саузерну, (в) рестрикционной карты, (г) кэш-памяти, (д) суффиксного древа. Напишите абзац, объясняющий эти термины на основе данных с сайтов.

17. К какому типу принадлежат следующие виды?

- Морская звезда
- Минога
- Солитер
- Гингко
- Скорпион
- Медуза
- Морской анемон

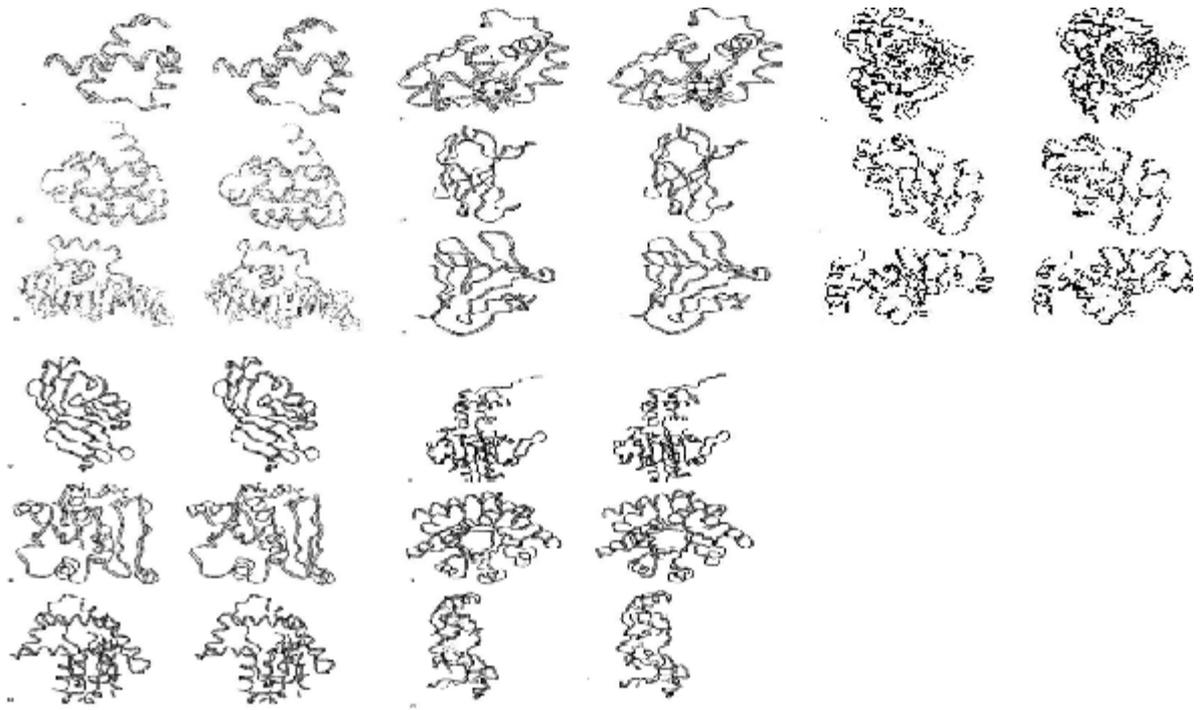


Рисунок . Альбом белковых структур.(а) «нарезанный» гомеодомен (1ENH); (б) второй калпониновый домен из утrophина [1BHD]; (в) HIN рекомбиназа, ДНК-связывающий домен [1HCR]; (г) эмбриональный цитохром с из риса [1CCR]; (д) клеточно-адгезивный белок фибронектин тип

18. Каковы тривиальные названия данных видов?

- a) *Acer rubrum*
- b) *Orycteropus afer*
- c) *Beta vulgaris*
- d) *Pyraetomena borealis*
- e) *Macrocystis poryfera*

19. Обычный завтрак англичанина состоит из: куриных яиц, жареных в масле, бекона, копченой сельди, жареных грибов, жареного картофеля, жареных помидоров, печеных бобов, тостов и чая с молоком. Напишите полную таксономическую классификацию организмов, из которых получены указанные продукты.

20. Получите и выровняйте последовательность панкреатической рибонуклеазы лошади, малого полосатика и большого рыжего кенгуру.

21. Получите и выровняйте последовательность митохондриального цитохрома-*b* лошади, кита и кенгуру.

a) Сравните степень попарного сходства каждой пары последовательностей с результатами сравнения последовательностей панкреатических рибонуклеаз этих видов в задании 20.

b) Сравните взаимное сходство этих последовательностей с результатами сравнения последовательностей панкреатических рибонуклеаз этих видов в задании 20. Совместимы ли выводы, полученные в результате анализа последовательностей митохондриального цитохрома-*b*, с выводами, полученными в результате анализа последовательностей панкреатических рибонуклеаз этих видов в задании 20?

22. Получите последовательности панкреатических рибонуклеаз из спермы кита, лошади, гиппопотама. Совместимы ли результаты с взаимосвязью, показанной с помощью SINE-повторов?

23. Было показано, что аминокислотная последовательность цитохрома-*b* слона и мамонта очень похожи. Одна из гипотез, это объясняющих, состоит в том, что для

Укажите на рисунке пункты, которые являются:

- a) Чисто служебными для базы данных
- b) Внешними данными, такими как ссылки на литературу
- c) результатами экспериментальных измерений
- d) Производной информацией, выведенной из экспериментальных измерений.

32. Почему поиск в базе данных структур ENTREZ выдал только 8 структур эластаз, а поиск в PDB выдал гораздо больше?

33. Сравните для человеческой эластазы файлы, найденные в категориях «белки» и «нуклеотиды» NCBI. На копиях этих двух страниц отметьте маркером все общие для двух файлов пункты.

34. Найдите запись SWISS-PROT для ингибитора трипсина поджелудочной железы быка (не для ингибитора секрети трипсина поджелудочной железы) и полную PIR запись для этого белка. Наличием какой информации отличаются эти записи друг от друга?

35. Найдите список официальных и неофициальных зеркальных сайтов Protein Data Bank. Какой из них ближе всего к вам?

36. Найдите все структуры миоглобина кашалота в Protein Data Bank и нарисуйте гистограмму дат их размещения в Protein Data Bank.

37. Найдите структуры белков, которые описал Peter Hudson, один или с коллегами.

38. Создайте строку поиска для использования инструментальным средством SearchLite из Protein Data Bank, которая (строка) выдаст структуры тиоредоксина *E.coli*, и не выдаст структуры нуклеазы стафилококка.

39. Для какой части структур, расположенных в Protein Data Bank и определенных при помощи рентгеноструктурного анализа, были размещены также файлы структурных факторов?

40. В Protein Data Bank запись 8XIA содержит структуру одного мономера изомеразы D-ксилозы из организма *Streptomyces rubiginosus*. Какова вероятная четвертичная структура, выведенная из координат атомов?

41. Найдите «структурных соседей» для записи 2TRX Protein Data Bank (тиоредоксин *E.coli*), соответствующие SCOP, CATH, FSSP и CE. Существуют ли какие-нибудь структуры, которых все эти классификации определяют как «структурных соседей» 2TRX? Какие структуры определены как «структурные соседи» в некоторых, но не во всех классификациях?

42. Почему поиск ENTREZ в категории «белок» для эластазы человека выдает ТРНК-синтетазу?

43. На рис. 7 приведена аминокислотная последовательность предшественника человеческой эластазы. Каковы различия между его последовательностью и последовательностью созревшего белка?

Первый результат поиска эластазы человека в банке данных белковых последовательностей ENTREZ

```

LOCUS AF120493.1 258 aa PRI 03-AUG-2000
DEFINITION elastase 1 precursor [Homo sapiens].
ACCESSION AF228441
PID S4731318
VERSION AF228441.1 GI:4731318
ORGANISM Homo sapiens
SOURCE human
ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominoidea; Homo.
REFERENCE 1 (residues 1 to 258)
AUTHORS Talas, N., Dunlop, J., Khalid, S., Leigh, I.M. and Kellell, D.P.
TITLE Human elastase 1: evidence for expression in the skin and the
identification of a frequent frameshift polymorphism
J. Invest. Dermatol. 114 (1), 155-170 (2000)
JOURNAL 2000/07/05
MEDLINE 10620133
REFERENCE 2 (residues 1 to 258)
AUTHORS Talas, N., Dunlop, J., Leigh, I.M. and Kellell, D.P.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (15-JAN-1999) Centre for Cutaneous Research, Queen Mary
and Westfield College, 2 Newark Street, London E1 2AT, UK
COMMENT Method: conceptual translation supplied by author.
FEATURES
source
Location/Qualifiers
1..258
/organism="Homo sapiens"
/db_xref="taxon:9606"
/chrosome="12"
/map="12q13"
/cell_type="keratinocyte"
Protein
1..258
/produced="elastase 1 precursor"
CDS
1..258
/gene="ELA1"
/coded_by="AF120493.1:42..818"
ORIGIN
1 atgctgctgctg dttctatctt ggtcagctac pccctcctgctt ggcctctctg cttctctctt
61 aabctctctctt tttctctctctt cctctctctctt cctctctctctt cctctctctctt
121 tttctctctctt tttctctctctt tttctctctctt tttctctctctt tttctctctctt
181 tttctctctctt tttctctctctt tttctctctctt tttctctctctt tttctctctctt
241 tttctctctctt tttctctctctt
//

```

44. Какова связь между последовательностями эластазы, полученными в результате поиска NCBI и PIR?
45. Используя SWISS-PROT напрямую или через SRS, получите запись SWISS-PROT для человеческой эластазы. Какую информацию, которой нет в соответствующей записи ENTREZ (белок) и PIR, содержит этот файл?
46. Какие гомологи эластазы нейтрофила человека можно найти при помощи PSI-BLAST?
47. Найдите как минимум 6 мутаций в человеческой эластазе, связанной с циклической нейтропенией, и отметьте их на выравнивании последовательностей (см. рис. 8). Сохраняется ли затронутая позиция для каждого мутанта более, чем в половине природных последовательностей?
48. Какой ген в *C. elegans* кодирует схожий по последовательности с человеческой эластазой?
49. Какова локализация человеческого гена глюкоза-6-фосфатдегидрогеназы в хромосоме?
50. Псевдогены эукариот могут быть разделены на те, которые возникают из-за удвоения и расхождения генов, и те, которые были вставлены в геном из мРНК ретровирусом, называемые процессинговыми псевдогенами. Процессированные псевдогены можно отличить по отсутствию интронов. Существуют ли какие-нибудь

псевдогены в кластерах гена глобина человека, которые являются процессинговыми псевдогенами?

51. Предварительный генетический анализ, направленный на изоляцию гена, связанного с кистозным арахноидитом, поместил этот ген между MET онкогеном и RFLP D7S8. Впоследствии было посчитано, что этот участок содержит 1-2 млн. по и может содержать 100-200 генов. Сколько пар оснований длиной оказался этот участок на самом деле? Сколько экспрессированных генов, как сейчас считается, содержит этот участок?

52. Ген синдрома Берардинелли-Сейп был локализован между двумя метками на зоне хромосомы 11q13 — D11S4191 и D11S987. Сколько пар оснований между этими двумя маркерами?

53. Существует ли база данных, доступная в интернете, которая собирает специфическую информацию по термодинамике и структуре взаимодействий белков с нуклеиновыми кислотами?

54. База данных протеома дрожжей содержит запись для *cdc6*, белка, который регулирует инициацию репликации ДНК. На какой хромосоме локализован ген *cdc6*-дрожжей? Какой посттрансляционной модификации подвергается этот белок, чтобы достичь зрелого активного состояния? Каковы ближайшие известные родственники этого белка в других видах? Для каких белков известно взаимодействие с *cdc6*-дрожжей? Каково воздействие дистамицина А на активность *cdc6*-дрожжей? Как влияет актиномицин D на активность *cdc6*-дрожжей?

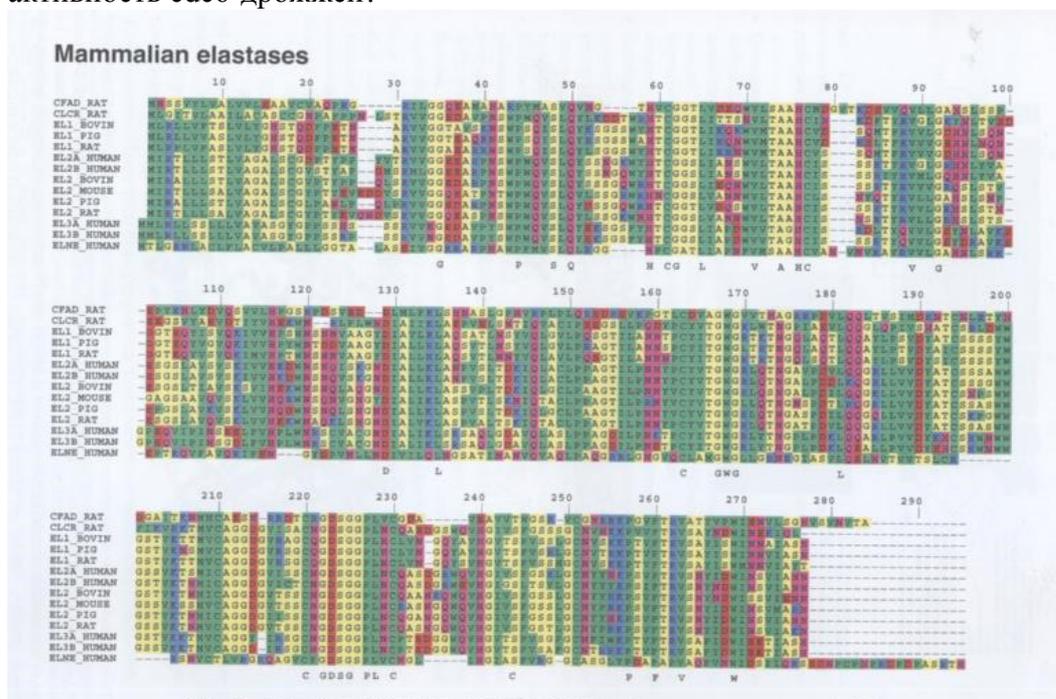


Таблица 9 – Примеры оценочных средств с ключами правильных ответов

N п/п	Тип задания	Формулировка задания	Правильный ответ	Время выполнения (в минутах)
ПК-1 - Готов к планированию, организации и проведению научно-исследовательских работ в области биотехнологии, интерпретации и представлению результатов				
1	Задание	Какое из следующих утверждений всегда ВЕРНО о сестринских таксонах на филогенетическом дереве?	1	3

	<p>закрытого типа</p> <p>1.Сестринские таксоны всегда имеют самого последнего общего предка, который не является общим с каким-либо другим таксоном в филогенезе.</p> <p>2.Сестринские таксоны всегда являются результатом событий видообразования, которые приводят к возникновению двух новых родов.</p> <p>3.Сестринские таксоны всегда определяются общими предковыми характеристиками, которые были изменены во всех других таксонах в филогенезе.</p> <p>4.Сестринские таксоны всегда являются результатом самого последнего события дивергенции, представленного в филогении.</p>		
2	<p>Назначение компьютера в биологических процессах: 1. Анализ биологических данных и изображений; 2. Моделирование объектов и процессов; 3. Биологические информационные системы; 4. Верно все перечисленное</p>	2	3
3	<p>Определите правильный порядок работы с базой данных: 1. Создание таблиц, создание запросов, создание файла базы данных; 2. Создание таблиц, создание файла базы данных, создание запросов; 3. Создание файла базы данных,</p>	3	3

		создание таблиц, создание запросов.		
4		Первая база данных по биоинформатике была создана: 1. Ричардом Дурбиным; 2. Дайхоффом; 3. Майклом Дж. Данном; 4. Пирсоном	3	3
5		База данных белковых последовательностей SWISSPROT началась в: 1. 1985 г.; 2. 1986 г.; 3. 1987 г.; 4. 1988 г.	3	3
6	Задание открытого типа	Какую информацию можно получить из следующих баз данных? (i) EMBL (ii) PDB	База данных EMBL содержит нуклеотидные последовательности ДНК и РНК, а также последовательности белков и связанную с ними информацию. Он также предоставляет инструменты для анализа последовательности и аннотации. База данных PDB (Protein Data Bank) содержит трехмерные структуры биологических макромолекул, включая белки, нуклеиновые кислоты и сложные сборки. Он предоставляет информацию о пространственном расположении атомов в этих молекулах и позволяет проводить структурный анализ и визуализацию.	5
7		Какие виды анализа можно проводить с использованием различных инструментов биоинформатики?	<ul style="list-style-type: none"> • Анализ последовательности • Филогенетический анализ • Структурный анализ: • Функциональный анализ • Сравнительный анализ • Системная биология 	8
8		Какая база данных была создана для управления избыточностью данных	База данных, созданная для управления избыточностью данных EST (Expressed Sequence Tag), называется	

		EST?	UniGene. UniGene — это база данных, которая объединяет последовательности EST из различных источников в неизбыточный набор кластеров, ориентированных на гены, представляющих уникальный ген.	
9		Каково значение наличия имен записей в формате PDB? Назовите две записи, каждая из которых связана со структурной информацией макромолекулы и другой информацией, связанной с макромолекулой.	Имена записей в формате Protein Data Bank (PDB) обеспечивают стандартизированный способ хранения и обмена информацией о макромолекулах. Они помогают идентифицировать и классифицировать поля данных в файле, упрощая чтение и интерпретацию информации. Два имени записи, относящиеся к структурной информации макромолекулы: <ul style="list-style-type: none"> • АТОМ: • HELIX Два имени записи, относящиеся к другой информации, связанной с макромолекулой: <ul style="list-style-type: none"> • НАЗВАНИЕ • SEQRES 	10
10		Перечислите три инструмента поиска в базе данных, доступные в NCBI.	<ul style="list-style-type: none"> • BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) • Entrez • GenBank 	8
<p>ПК-3 – Способен использовать знание нормативных документов, регламентирующих организацию проведения биотехнологических работ, контролировать биотехнологические процессы в соответствии с направлением работы</p>				
1	Задание закрытого типа	В каком году создан первый сервер молекулярной биологии ExPASy: 1. 1991 г.; 2. 1992 г.; 3. 1993 г.; 4. 1994 г.	3	3
2		Геном человека содержит около: 1. 2 млрд. пар оснований; 2. 3 млрд. пар оснований; 3. 4 млрд. пар	2	3

		оснований; 4. 5 млрд. пар оснований		
3		Идентификация лекарств посредством геномного исследования: 1. Геномика; 2. Хеминформатика; 3. Фармагеномика; 4. Фармакогеномика	3	3
4		Внесение кДНК в инертную структуру – это: 1. Фингерпринтинг ДНК; 2. ДНК-полимераза; 3. ДНК-зонды; 4. ДНК-микрочипы	4	3
5		Анализ или сравнение всего генома видов: 1. Биоинформатика; 2. Геномика; 3. Протеомика; 4. Фармакогеномика	2	3
6	Задание открытого типа	Какую информацию можно получить из следующих баз данных? (i) EMBL (ii) PDB	База данных EMBL (Европейская лаборатория молекулярной биологии) содержит последовательности ДНК и РНК, представленные исследователями со всего мира. Он обеспечивает доступ к нуклеотидным последовательностям, а также к информации об исходном организме, функции гена и другим связанным данным. PDB (Банк данных о белках) представляет собой базу данных, которая предоставляет информацию о трехмерных структурах белков, нуклеиновых кислот и сложных сборок. Он содержит экспериментальные данные, полученные с помощью рентгеновской кристаллографии, ЯМР-спектроскопии и других методов. PDB широко используется	5

			исследователями в области молекулярной биологии, биохимии и биофизики для изучения структуры и функции	
7		BLAST помогает найти гомологию при выравнивании биологических последовательностей. Укажите любые две причины этой гомологии.	Эволюционное родство и функциональное сходство	8
8		Как составить филогенетическое дерево?	<ol style="list-style-type: none"> 1. Сбор данных 2. Выравнивание последовательностей 3. Реконструкция филогенетического дерева 4. Выбор модели 5. Оценка дерева 6. Визуализация и интерпретация 	5
9		Что такое филогенетическое дерево?	Филогенетическое дерево — это графическое представление или диаграмма, изображающая эволюционные отношения и генетические связи между различными организмами, видами или генами.	10
10		Биоинформатика это...	Междисциплинарная область, объединяющая общую биологию, молекулярную биологию, кибернетику, геномику, химию, компьютерные науки, математику и статистику.	8

Полный комплект оценочных материалов по дисциплине (модулю) (фонд оценочных средств) хранится в электронном виде на кафедре, утверждающей рабочую программу дисциплины (модуля), и в Центре мониторинга и аудита качества обучения.

7.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания результатов обучения по дисциплине (модулю)

Оценка результатов обучения студента выполняется в соответствии с «Положением о балльно-рейтинговой системе оценки учебных достижений студентов», утвержденным решением Ученого совета ФГБОУ ВО «Астраханский государственный университет им. В.Н. Татищева» от 30 декабря 2013 г.

Таблица 10 – Технологическая карта рейтинговых баллов по дисциплине (модулю)

№ п/п	Контролируемые мероприятия	Баллы	Максимальное количество баллов	Срок предоставления
Основной блок				
1	Выступления на семинарских занятиях:			По расписанию
1.1	Полный ответ на вопрос	2-6	30	
1.2	Сообщение по доп. теме	2-5	20	
1.3	Дополнение	1	6	
Количество баллов к рубежному контролю (8 неделя)			минимальное - 40	
3	Контр. работа	1-7	14	По расписанию
4	Контроль творческой сам. работы:			
4.1	Выполнение домашнего задания	1-5	5	
4.2	Написание и защита реферата	4-8	12	
Количество баллов к рубежному контролю (14 неделя)			минимальное -60	
Промежуточный контроль			90	
5	Блок бонусов:			
5.1	Отсутствие пропусков лекций	+2	10	По расписанию
5.2	Отсутствие пропусков практических занятий	+2		
5.3	Активность студентов на занятиях	+3		
5.4	Подготовка презентации к сообщению	+1		
Итого			100	

Таблица 11 - Система штрафов

Опоздание (2 и более)	-2
Нарушение учебной дисциплины	-2
Пропуски лекций без уважительных причин (за 1 лекцию)	-2
Пропуски семинарских занятий без уважительных причин (за 1 занятие)	-2

Таблица 12 - Шкала перевода рейтинговых баллов в итоговую оценку за семестр по дисциплине

Сумма баллов по дисциплине	Оценка по четырехбалльной шкале
90-100	5 (отлично)
70-89	4 (хорошо)
60-69	3 (удовлетворительно)
Менее 60	2 (неудовлетворительно)

При реализации дисциплины (модуля) в зависимости от уровня подготовленности обучающихся могут быть использованы иные формы, методы контроля и оценочные средства, исходя из конкретной ситуации.

8. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

8.1. Основная литература:

1. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. Леск ; под ред. А.А. Миронова, В.К. Швядаса. - М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с.
2. Математическая биология. Т. 1. Введение / Мюррей, Дж. ; пер. с англ. Л.С. Ванаг, А.Н. Дьяконовой; Под науч. ред. Г.Ю. Ризниченко. - М. ; Ижевск : НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика", Ин-т компьютерных исследований, 2009. - 776 с.
3. Математическая биология. Т. 2. Пространственные модели и их приложения в биомедицине / Мюррей, Дж. ; пер. с англ. А.Н. Дьяконовой [и др.]; Под науч. ред. Г.Ю. Ризниченко. - М. ; Ижевск : НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика", Ин-т компьютерных исследований, 2011. - 1104 с.

8.2. Дополнительная литература:

1. Введение в молекулярную биологию от клеток к атомам : Пер. с англ. / Рис Энтони, Майкл Стернберг ; Под.ред. Лазуркина Ю.С. и Ткачука В.А. - М. : Мир, 2002. - 142 с. : ил.
2. Информационная биология : Рек. УМО по классич. унив. образованию в качестве учеб.пособ. для студ. вузов, ... по направлению подгот. бакалавров и магистров 020200 "Биология" и биологическим спец. / М. А. Каменская. - М. : Академия, 2006. - 368 с. : рис., табл. - (Высш. проф. образование).
3. Молекулярная биология : Доп. УМО по спец. пед. образования в качестве учеб.для вузов по спец. "Биология" / А. С. Коничев, Г. А. Севастьянова. - 3-е изд. ; стереотип. - М.: Академия, 2008. - 400 с. - (Высшее проф. образование).
4. Молекулярная биология: Учебно-методическое пособие для студентов, обучающихся по специальностям: 020201- Биология, 020803- Биоэкология, 050102- Биология, по направлению 510600- Естественнонаучное образование. [Электронная версия издания размещена на Образовательном интернет-портале АГУ] / Е. В. Аношкина, Кондратенко Е.И., Ломтева Н.А. - Астрахань : Астраханский университет, 2007. - 221 с. + CD ROM. - (Федеральное агентство по образованию. АГУ).
5. Руководство по биометрии / Р.М. Болл[и др.]; пер. с англ. Н.Е. Агаповой. - М. : Техносфера, 2007. - 368 с. - (Мир цифровой обработки).

8.3. Интернет-ресурсы, необходимые для освоения дисциплины (модуля)

1. Интернет-платформа Rosiland (<http://rosalind.info>)
2. Учебники. Режим доступа: <http://books4study.biz/c16>
3. Википедия, электронное пособие. Режим доступа: <http://dronisimo.chat.ru/homepage1/ob.htm>
4. <http://www.biotechnolog.ru> – молекулярная биология и биотехнология;
5. <http://www.molbiol.edu.ru> – практическая молекулярная биология;
6. <http://www.rusbiotech.ru> – молекулярная биология и биотехнология;
7. <http://www.sci-lib.com> – наука, новости науки и техники для студентов

9. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Кафедра биотехнологии и биоэкологии располагает рядом специализированных лабораторий: лабораторией биотехнологии, лабораторией клеточных технологий, лабораторией микробиологии (расположенных в технопарке АГУ). Лаборатории оснащены современным оборудованием: цитологическим и микробиологическим оборудованием, газовыхревым биореактором, биохранилищем, автоклавами, термошкафами микроскопической техникой, центрифугами, электронными весами, боксами, лабораторной посудой, реактивами, компьютерной техникой и т.д.

Современная научно-техническая база лабораторий кафедры биотехнологии и биоэкологии позволяет выполнить основной комплекс исследований на высоком методическом уровне, провести серии экспериментов, используя биореактор, электронную микроскопию, математическое моделирование, современные статистические методы исследования.

Рабочая программа дисциплины (модуля) при необходимости может быть адаптирована для обучения (в том числе с применением дистанционных образовательных технологий) лиц с ограниченными возможностями здоровья, инвалидов. Для этого требуется заявление обучающихся, являющихся лицами с ограниченными возможностями здоровья, инвалидами, или их законных представителей и рекомендации психолого-медико-педагогической комиссии. Для инвалидов содержание рабочей программы дисциплины (модуля) может определяться также в соответствии с индивидуальной программой реабилитации инвалида (при наличии).