

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Ковтун Ольга Петровна
Должность: ректор
Дата подписания: 29.07.2024 14:22:05
Уникальный программный ключ:
f590ada38fac7f9d3be3160b34c218b72d19757c

**Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Уральский государственный медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации
Кафедра медицинской физики и цифровых технологий**

УТВЕРЖДАЮ
Проректор по образовательной
деятельности и молодежной
политике
Т.В. Бородулина
20 марта 2023 г.



**Рабочая программа дисциплины
Б1.О.13 Биоинформатика**

Специальность: 06.04.01 Биология
Уровень высшего образования: Магистратура
Квалификация: Магистр

г. Екатеринбург
2023 год

Рабочая программа дисциплины «Б1.О.13 Биоинформатика» составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования - магистратура по направлению подготовки 06.04.01 Биология, утвержденным приказом Министерства образования и науки РФ от 11.08.2020 г. № 934, в соответствии с учебным планом образовательной программы магистратуры по направлению подготовки 06.04.01 Биология, профиль «Генные и клеточные технологии в медицине».

Программа составлена: Резайкин А.В., к.м.н., доцент кафедры медицинской физики и цифровых технологий ФГБОУ ВО УГМУ Минздрава России.

Программа рецензирована: _____ (Ф.И.О., ученую степень, звание, должность).

Программа обсуждена и одобрена на заседании кафедры медицинской физики и цифровых технологий ФГБОУ ВО УГМУ Минздрава России " ____ " _____ 2023г. (протокол № _____)

Программа обсуждена и одобрена Методической комиссией по программам аспирантуры и магистратуры " ____ " _____ 2023г. (протокол № _____)

1. Цель изучения дисциплины

Получение студентами основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики, о применении методов биоинформатики для решения задач в области применения генных и клеточных технологий в медицине в том числе, анализ нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, анализ транскриптомных и геномных данных, компьютерное моделирование трёхмерных структур нуклеиновых кислот и белков, филогенетический анализ.

2. Задачи дисциплины

- Формирование системных знаний по биоинформатике, связанных с анализом последовательностей нуклеотидов и аминокислот;
- Формирование базовых навыков анализа данных, полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения;
- Изучение основных понятий и формирование базовых навыков работы с результатами транскрипторных и геномных исследований;
- Изучение и формирование навыков работы со специализированными международными базами биомедицинских данных (INSDC, wwPDB, NCBI);
- Получение основных навыков по визуализации и моделированию трехмерных структур белков;
- Формирование базовых навыков использования методов биоинформатики для решения прикладных задач в области применения генных и клеточных технологий в медицине;

3. Место дисциплины в структуре ООП

3.1. Дисциплина «Б1.О.13 Биоинформатика» изучается в 1 семестре и относится к обязательной части Блока 1 «Дисциплины (модули)» учебного плана образовательной программы магистратуры по направлению подготовки 06.04.01 Биология, профиль «Генные и клеточные технологии в медицине».

3.2. Для освоения данной дисциплины обучающиеся используют знания и умения, сформированные предыдущим образованием в ходе изучения дисциплин: Биология, Биохимия, Медицинская информатика.

3.3. Знания, умения и опыт практической деятельности, приобретенные при освоении настоящей дисциплины, необходимы для дальнейшего успешного освоения дисциплин: Б1.В.04 Медицинская генетика и геномика, Б1.В.05 Функциональная геномика, Б1.В.06 Анализ данных омиксных технологий, Б1.В.ДВ.01.01 Введение в технологии высокоэффективного секвенирования, а также прохождения практики Б2.В.02(П) Научно-исследовательская работа.

4. Требования к результатам освоения дисциплины

Процесс изучения дисциплины «Б1.О.13 Биоинформатика» направлен на формирование у студентов следующих компетенций:

Общепрофессиональные компетенции:

ОПК-8. Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности.

В результате изучения дисциплины студент должен:

Знать:

- Строение и функциональную связь нуклеотидных и аминокислотных последовательностей;
- Основные понятия, подходы и методы анализа данных в биоинформатике;
- Форматы и способы представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей;
- Основные типы первичных геномных, транскриптомных и протеомных данных, методы их обработки и анализа;
- Современные компьютерные технологии и компьютерные программы, используемые в биоинформатике;
- Содержимое крупнейших международных специализированных баз биомедицинских данных;

Уметь:

- Проводить анализ аминокислотных и нуклеотидных последовательностей;
- Использовать форматы представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований;
- Проводить анализ биоинформатических данных с использованием современных компьютерных технологий и программ;
- Использовать международные специализированные базы биомедицинских данных в биомедицинских исследованиях;

Владеть:

- Основными компьютерными программами для выполнения анализа аминокислотных и нуклеотидных последовательностей;
- Методами анализа качества данных, используемых для решения прикладных биомедицинских задач;
- Методами работы с результатами транскриптомных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения;
- Навыками работы с крупнейшими международными базами биомедицинских данных;

5. Объем и вид учебной работы

Виды учебной работы	Трудоемкость (часы)		Семестры (указание часов по семестрам)
Аудиторные занятия (всего)	34		1
В том числе:			
Лекции	10		1
Практические занятия	24		1
Лабораторные работы	-		
Самостоятельная работа (всего)	38		1
Формы аттестации по дисциплине (зачет, экзамен)	Зачет		1
Общая трудоемкость дисциплины	Часы	ЗЕТ	
	72	2	

6. Содержание дисциплины

6.1. Содержание раздела и дидактической единицы

Содержание дисциплины	Основное содержание дидактической единицы
<p>ДЕ 1. Введение в биоинформатику. Основные понятия и разделы. Знакомство с международными специализированными базами биомедицинских данных.</p> <p>ОПК-8</p>	<p>История возникновения биоинформатики как науки. Проект "Геном человека", достижения и нерешенные проблемы. Обзор современных технологий секвенирования нуклеиновых кислот. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Основные разделы современной биоинформатики, их задачи, методы, область применения. Базовые направления биоинформатики: биоинформатика последовательностей, геномная биоинформатика, структурная биоинформатика. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Международные базы биомедицинских данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др. Форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).</p>
<p>ДЕ 2. Биоинформатика последовательностей. Парное и множественное выравнивание. Поиск аналогов. Функциональная аннотация генов. Сборка генов и геномов.</p> <p>ОПК-8</p>	<p>Парные и множественные выравнивания последовательностей нуклеотидов и аминокислот. Источник проблемы. Цели и типы выравниваний. Принципы выравнивания последовательностей. Основные алгоритмы и инструменты парного выравнивания (Fasta, BLAST, и др.). Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчет оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). BLAST (интерфейс, алгоритм). БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры</p>

	<p>множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания последовательностей (ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Toffee). Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом.</p>
<p>ДЕ 3. Геномная биоинформатика. Сравнительный анализ геномов. Молекулярная филогенетика. ОПК-8</p>	<p>Применение математических методов компьютерного анализа в сравнительной геномике. Появление геномной биоинформатики. Примеры сравнительного анализа геномов, поиск структурных перестроек. Филогения и эволюционные деревья. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. Программы для филогенетического анализа последовательностей (MEGA).</p>
<p>ДЕ 4. Структурная биоинформатика. Предсказание вторичной и третичной структуры РНК и белка. ОПК-8</p>	<p>Структура нуклеиновых кислот и белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы предсказания вторичной структуры РНК по последовательности нуклеотидов. Методы предсказания вторичной и третичной структуры белка по последовательности аминокислот. Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.). Инструменты для визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы определения структурно-функциональных участков белковой молекулы. Сравнительный анализ структур родственных белков, классификация белков на основе их пространственной структуры. Анализ структур комплексов двух или нескольких молекул белка, комплексов молекул белка с нуклеиновыми кислотами и низкомолекулярными соединениями.</p>

6.2. Контролируемые учебные элементы

Дидактическая единица (ДЕ)	Контролируемые учебные элементы, формируемые в результате освоения дисциплины		
	Знать	Уметь	Владеть
ДЕ 1. Введение в биоинформатику. Основные понятия и разделы. Знакомство с международными специализированными базами биомедицинских данных. ОПК-8	Историю возникновения биоинформатики как науки. Современные технологий секвенирования нуклеиновых кислот. Основные разделы современной биоинформатики, их задачи, методы, область применения. Специфику работы с биологическими данными. ОПК-8	Проводить анализ аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Использовать форматы представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований. Искать необходимую информацию в международных базах биомедицинских данных (Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др.). ОПК-8	Основными компьютерными программами для выполнения поиска информации в международных базах биомедицинских данных (геномные браузеры и др.); ОПК-8
ДЕ 2. Биоинформатика последовательностей. Парное и множественное выравнивание. Поиск аналогов. Функциональная аннотация генов. Сборка генов и геномов. ОПК-8	Цели и типы выравниваний. Принципы выравнивания последовательностей. Основные алгоритмы и инструменты парного выравнивания (Fasta, BLAST, и др.). Методы оптимизации выравнивания. ОПК-8	Проводить расчёт оценки выравнивания (Score). Применять алгоритмы Ниделмана-Вунша, Смита-Уотермана и др. для парного выравнивания последовательностей. ОПК-8	Программами для проведения выравнивания последовательностей (Fasta, BLAST ClustalW и др.). Владеть инструментами анализа качества результатов секвенирования. Владеть инструментами для сборки и работы с геномом. ОПК-8
ДЕ 3. Геномная биоинформатика. Сравнительный анализ геномов. Молекулярная филогенетика. ОПК-8	Основные понятия филогении и построения эволюционных деревьев. Источники изменчивости генетической	Применять математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике. Правильно	Алгоритмами и программами для филогенетического анализа последовательностей (MEGA и др.). ОПК-8

	<p>информации</p> <p>Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии.</p> <p>ОПК-8</p>	<p>выбирать алгоритмы филогенетического анализа и методы построения филогенетических деревьев.</p> <p>Проводить оценку достоверности различия полученных данных.</p> <p>ОПК-8</p>	
<p>ДЕ 4. Структурная биоинформатика.</p> <p>Предсказание вторичной и третичной структуры РНК и белка.</p> <p>ОПК-8</p>	<p>Структуру нуклеиновых кислот и белков.</p> <p>Методы предсказания вторичной структуры РНК по последовательности нуклеотидов.</p> <p>Методы предсказания вторичной и третичной структуры белка по последовательности аминокислот.</p> <p>Методы получения трехмерной структуры белка.</p> <p>Структуру PDB файла.</p> <p>ОПК-8</p>	<p>Искать информацию в базах данных трехмерных структур белков (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.).</p> <p>Проводить сравнительный анализ структур родственных белков на основе их пространственной структуры. Изучить свойства белковых молекул при помощи программы PyMol.</p> <p>ОПК-8</p>	<p>Инструментами поиска информации в базах данных трехмерных структур белков (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.).</p> <p>Программами для визуализации белковых структур и выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST).</p> <p>ОПК-8</p>

6.3. Разделы дисциплины (ДЕ), виды занятий и трудоемкость в часах

№ дидактической единицы	Часы по видам занятий			Всего:
	Лекции	Практич. занятия	Сам. работа	
ДЕ 1	2	6	8	16
ДЕ 2	4	9	12	25
ДЕ 3	2	6	12	20
ДЕ 4	2	3	6	11
ИТОГО	10	24	38	72

7. Примерная тематика (при наличии):

7.1. Курсовых работ - Не предусмотрено учебным планом;

7.2. Учебно-исследовательских, творческих работ - Не предусмотрено учебным планом;

7.3. Рефератов - Не предусмотрено учебным планом;

8. Ресурсное обеспечение.

Кафедра располагает кадровыми ресурсами, гарантирующими качество подготовки специалиста в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по специальности 06.04.01 Биология. При условии добросовестного обучения магистрант овладеет знаниями, умениями и навыками, необходимыми для квалификационного уровня, предъявляемого к выпускнику.

Образовательный процесс реализуют научно-педагогические сотрудники кафедры, имеющие высшее образование, а также имеющие ученую степень кандидата, доктора наук, ученое звание доцента или профессора.

В процессе изучения дисциплины 80% всех аудиторных занятий проводятся в интерактивной форме.

8.1. Образовательные технологии

Практические занятия проводятся в оборудованных компьютерных классах. Все компьютеры имеют подключение к сети Интернет. При чтении лекций используется мультимедийное оборудование.

8.2. Материально-техническое оснащение

- Лекционные аудитории, оборудованные мультимедийными проекторами, ноутбуками и экранами;
- Компьютерные классы с современными персональными компьютерами;
- Доступ к международным базам биомедицинских данных через сеть Интернет;
- Наборы мультимедийных наглядных материалов по различным разделам курса.

8.3. Перечень лицензионного программного обеспечения

8.3.1. Системное программное обеспечение

VMwarevCenterServer 5 Standard, срок действия лицензии: бессрочно;

VMwarevSphere 5 EnterprisePlus, срок действия лицензии: бессрочно, дог. № 31502097527 от 30.03.2015 ООО «Крона-КС»;

- WindowsServer 2003 Standard № 41964863 от 26.03.2007, № 43143029 от 05.12.2007, срок действия лицензий: бессрочно;

- WindowsServer 2019 Standard (32 ядра), лицензионное соглашение № V9657951 от 25.08.2020, срок действия лицензий: 31.08.2023 г., корпорация Microsoft;

- ExchangeServer 2007 Standard (лицензия № 42348959 от 26.06.2007, срок действия лицензии: бессрочно);

- SQL ServerStandard 2005 (лицензия № 42348959 от 26.06.2007, срок действия лицензии: бессрочно);

- CiscoCallManager v10.5 (договор № 31401301256 от 22.07.2014, срок действия лицензии: бессрочно), ООО «Микротест»;

- Шлюз безопасности Ideco UTM Enterprise Edition (лицензия № 109907 от 24.11.2020 г., срок действия лицензии: бессрочно), ООО «АЙДЕКО».

7.1.2. Операционные системы персональных компьютеров:

- Windows 7 Pro (OpenLicense № 45853269 от 02.09.2009, № 46759882 от 09.04.2010, № 46962403 от 28.05.2010, № 47369625 от 03.09.2010, № 47849166 от 21.12.2010, №

47849165 от 21.12.2010, № 48457468 от 04.05.2011, № 49117440 от 25.03.10.2011, № 49155878 от 12.10.2011, № 49472004 от 20.12.2011), срок действия лицензии: бессрочно);

- Windows7 Starter (OpenLicense № 46759882 от 09.04.2010, № 49155878 от 12.10.2011, № 49472004 от 20.12.2011, срок действия лицензий: бессрочно);
- Windows 8 (OpenLicense № 61834837 от 09.04.2010, срок действия лицензий: бессрочно);
- Windows 8 Pro (OpenLicense № 61834837 от 24.04.2013, № 61293953 от 17.12.2012, срок действия лицензии: бессрочно);

7.2. Прикладное программное обеспечение

7.2.1. Офисные программы

- OfficeStandard 2007 (OpenLicense № 43219400 от 18.12.2007, № 46299303 от 21.12.2009, срок действия лицензии: бессрочно);
- OfficeProfessionalPlus 2007 (OpenLicense № 42348959 от 26.06.2007, № 46299303 от 21.12.2009, срок действия лицензии: бессрочно);
- OfficeStandard 2013 (OpenLicense № 61293953 от 17.12.2012, № 49472004 от 20.12.2011, № 61822987 от 22.04.2013, № 64496996 от 12.12.2014, № 64914420 от 16.03.2015, срок действия лицензии: бессрочно);

7.2.2. Программы обработки данных, информационные системы

- Программное обеспечение «ТАНДЕМ. Университет» (включая образовательный портал educa.usma.ru) (лицензионное свидетельство № УГМУ/21 от 22.12.2021, срок действия лицензии: бессрочно), ООО «Тандем ИС».

7.3.2.3. Внешние электронные информационно-образовательные ресурсы

Электронно-библиотечная система «Консультант студента» ООО «Консультант студента», Контракт № 200/14 от 20.08.2021. Действует до 31.08.2022 г.

Образовательная платформа «ЮРАЙТ» ООО «Электронное издательство ЮРАЙТ» Лицензионный договор № 201/14 от 20.08.2021. Действует до 31.08.2022 г.

Институциональный репозиторий на платформе DSpace «Электронная библиотека УГМУ» ФГАОУ ВО УрФУ им. первого Президента России Б.Н. Ельцина, Договор установки и настройки № 670 от 01.03.18. Бессрочный.

Национальная электронная библиотека ФГБУ «Российская государственная библиотека», Договор № 101/НЭБ/5182 от 26.10.2018. Действует до 2023 г.

Универсальная база данных East View Information Services (периодические издания — Российские журналы) ООО «ИВИС» Лицензионный договор № 286-П от 24.12.2021. действует до 30.06.2022 г.

Электронно-образовательный ресурс для иностранных студентов «Русский как иностранный». ООО Компания «Ай Пи Ар Медиа» Лицензионный договор № 8514/21 от 19.10.2021. Действует до 24.10.2022 г.

8.3.2. Прикладное программное обеспечение

8.3.2.1. Офисные программы

- OfficeStandard 2013 (OpenLicense № 61293953 от 17.12.2012, № 49472004 от 20.12.2011, № 61822987 от 22.04.2013, № 64496996 от 12.12.2014, № 64914420 от 16.03.2015, срок действия лицензии: бессрочно).

8.3.2.2. Программы обработки данных, информационные системы

- Программное обеспечение «ТАНДЕМ. Университет» (включая образовательный портал educa.usma.ru) (лицензионное свидетельство № УГМУ/21 от 22.12.2021, срок действия лицензии: бессрочно), ООО «Тандем ИС»;
- МИС «Феникс. Учетный комплекс» (лицензионный договор с ООО «Бит» от 01.08.2012, срок действия: бессрочно).
- Система дистанционного обучения MedSpace на платформе Moodle

8.4. Парк компьютеров в количестве 50 шт.

9. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

9.1. Основная литература

9.1.1. Электронные учебные издания (учебники, учебные пособия).

Электронные базы данных в ЭБС “Консультант студента”:

Часовских, Н. Ю. Биоинформатика: учебник / Н. Ю. Часовских. - Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>

9.1.2. Электронные базы данных, к которым обеспечен доступ.

NCBI dbGaP – данные о генотипах и фенотипах <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gap>
NCBI EST – ярлыки экспрессированных последовательностей
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucest/>
NCBI Gene – информация о генах <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>
Genome Project – информация о проекте Геном
<https://www.genome.gov/10001772/all-about-the--human-genome-project-hgp/>
NCBI Genome – целые геномные последовательности
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>
NCBI GEO DataSets – экспериментальные множества экспрессий БД GEO
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gds>
NCBI GEO Profiles – экспрессионные профили
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geoprofiles/>
NCBI HomoloGene – эукариотические гомологичные группы
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/homologene>
KEGG – коллекция баз данных по сигнальным и регуляторным путям
<http://www.genome.jp/kegg/>
NCBI Nucleotide – набор нуклеотидных последовательностей
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide>
OMIM – менделевское наследование признаков у людей <http://www.omim.org/>
PFAM - семейства белков с аннотациями и множественным выравниванием последовательностей сгенерированном с использованием скрытых марковских моделей
<http://pfam.xfam.org/>
PROSITE – белковые семейства и домены <http://prosite.expasy.org/>
NCBI Protein – белковые последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein>
Protein Data Bank (PDB) – база данных по 3D структурам макромолекул
<http://www.rcsb.org>

9.1.3. Учебники

Введение в биоинформатику [Текст] : [учеб. для вузов] / А. Леск ; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядоса. - 2-е изд. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. - 318 с.

Порозов Ю.Б. Биоинформатика [Электронный ресурс]/ Порозов Ю.Б.- Электрон. текстовые данные.- СПб.: Университет ИТМО, 2012.- 54 с.- Режим доступа: <http://www.iprbookshop.ru/65798.htm> 1.— ЭБС «IPRbooks»;

9.2. Дополнительная литература

Математическая биология и биоинформатика: электронный журнал
<http://www.matbio.org/about.php>

Бородовский М. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей [Электронный ресурс]/ Бородовский М., Екишева С. - Электрон. текстовые данные. -

Москва, Ижевск: Регулярная и хаотическая динамика, 2008.- 440 с.- Режим доступа:
<http://www.iprbookshop.ru/16519.html> .- ЭБС «IPRbooks» (дата обращения 03.06.2018)

Молекулярное моделирование: теория и практика / Хельтзе, Х.-Д. - М. : БИНОМ.
Лаб. знаний, 2009. - 318 с.

10. Аттестация по дисциплине.

Формой итоговой аттестации по дисциплине «Б1.О.13 Биоинформатика» является зачет. Условием допуска к зачету, является успешное выполнение практических работ и сдача контрольных компьютерных тестов.

11. Фонд оценочных средств по дисциплине

ФОС для проведения промежуточной аттестации (представлен в приложении №1).

**федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Уральский государственный медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации**

Кафедра медицинской физики и цифровых технологий

«УТВЕРЖДАЮ»:

Проректор по образовательной
деятельности и молодежной политике
Т.В.Бородулина
" ____ " _____ 2023 г.

**Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации по дисциплине
Б1.О.13 Биоинформатика**

Специальность: 06.04.01 Биология
Уровень высшего образования: Магистратура
Квалификация: Магистр

г. Екатеринбург
2023 год

1) Кодификатор результатов обучения по дисциплине

Структурированный перечень объектов оценивания – знаний, умений, навыков, учитывающий ФГОС представлен в таблице:

Дидактическая единица (ДЕ)	Контролируемые учебные элементы, формируемые в результате освоения дисциплины		
	Знать	Уметь	Владеть
<p>ДЕ 1. Введение в биоинформатику. Основные понятия и разделы. Знакомство с международными специализированными базами биомедицинских данных. ОПК-8</p>	<p>Историю возникновения биоинформатики как науки. Современные технологий секвенирования нуклеиновых кислот. Основные разделы современной биоинформатики, их задачи, методы, область применения. Специфику работы с биологическими данными. ОПК-8</p>	<p>Проводить анализ аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Использовать форматы представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований. Искать необходимую информацию в международных базах биомедицинских данных (Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др.). ОПК-8</p>	<p>Основными компьютерными программами для выполнения поиска информации в международных базах биомедицинских данных (геномные браузеры и др.); ОПК-8</p>
<p>ДЕ 2. Биоинформатика последовательностей. Парное и множественное выравнивание. Поиск аналогов. Функциональная аннотация генов. Сборка генов и геномов. ОПК-8</p>	<p>Цели и типы выравниваний. Принципы выравнивания последовательностей. Основные алгоритмы и инструменты парного выравнивания (Fasta, BLAST, и др.). Методы оптимизации выравнивания. ОПК-8</p>	<p>Проводить расчёт оценки выравнивания (Score). Применять алгоритмы Ниделмана-Вунша, Смита-Уотермана и др. для парного выравнивания последовательностей. ОПК-8</p>	<p>Программами для проведения выравнивания последовательностей (Fasta, BLAST ClustalW и др.). Владеть инструментами анализа качества результатов секвенирования. Владеть инструментами для сборки и работы с геномом. ОПК-8</p>

<p>ДЕ 3. Геномная биоинформатика. Сравнительный анализ геномов. Молекулярная филогенетика. ОПК-8</p>	<p>Основные понятия филогении и построения эволюционных деревьев. Источники изменчивости генетической информации Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. ОПК-8</p>	<p>Применять математические методы компьютерного анализа в сравнительной геномике. Правильно выбирать алгоритмы филогенетического анализа и методы построения филогенетических деревьев. Проводить оценку достоверности различия полученных дпнных. ОПК-8</p>	<p>Алгоритмами и программами для филогенетического анализа последовательностей (MEGA и др.). ОПК-8</p>
<p>ДЕ 4. Структурная биоинформатика. Предсказание вторичной и третичной структуры РНК и белка. ОПК-8</p>	<p>Структуру нуклеиновых кислот и белков. Методы предсказание вторичной структуры РНК по последовательности нуклеотидов. Методы предсказание вторичной и третичной структуры белка по последовательности аминокислот. Методы получения трехмерной структуры белка. Структуру PDB файла. ОПК-8</p>	<p>Искать информацию в базах данных трехмерных структур белков (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.). Проводить сравнительный анализ структур родственных белков на основе их пространственной структуры. Изучить свойства белковых молекул при помощи программы PyMol. ОПК-8</p>	<p>Инструментами поиска информации в базах данных трехмерных структур белков (NCBI Structure, Dali, SCOP и др.). Программами для визуализации белковых структур. и выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). ОПК-8</p>

2) Аттестационные материалы

2.1. Тестовые вопросы к промежуточному контролю (10 первых тестовых заданий)

1. Используя современные методы секвенирования ДНК (Next generation sequencing) насколько максимально быстро можно определить почти полный геном человека?
 - за 10 лет
 - за 1 год
 - за несколько месяцев
 - +за несколько дней
 - за несколько минут

2. Какие задачи помогает решать структурная биоинформатика?
 - предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - +предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
 - поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
 - установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
 - поиск гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных

3. Какие задачи помогает решать молекулярная филогенетика?
 - предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма
 - предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
 - поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
 - +установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
 - поиск гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных

4. Какие основные разделы современной биоинформатики вам известны:
 - +Биоинформатика последовательностей
 - Таксономическая биоинформатика
 - +Геномная биоинформатика
 - +Структурная биоинформатика
 - Биохимическая биоинформатика

5. Какие прикладные задачи решает биоинформатика последовательностей
 - +сборка молекулы ДНК de novo из отдельных фрагментов
 - предсказание вторичной структуры белка по последовательности аминокислот
 - +выравнивание последовательностей аминокислот относительно друг друга
 - +поиск похожих последовательностей нуклеотидов
 - исследование регуляции работы ансамблей генов в организме

6. Секвенирование ДНК - это

-математические методы предсказания функциональной активности отдельных участков ДНК

+общее название методов, которые позволяют определить последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК

-методы определения вторичной структуры ДНК по последовательности нуклеотидов

-математические алгоритмы поиска похожих последовательностей ДНК в международных базах данных

-методы определения видовой принадлежности фрагментов ДНК

7. Структурная биоинформатика включает в себя:

-анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках

-разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов

+изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)

-предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма

-анализ последовательности действий исследователя при работе с макромолекулами

8. Функциональная аннотация последовательностей ДНК предполагает решение следующих задач:

-предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма

-предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры

+поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками

-установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК

-поиск гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных

9. Биоинформатика последовательностей включает в себя:

+анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках

-разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов

-изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)

-предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма

-анализ последовательности действий исследователя при работе с макромолекулами

10. Геномная биоинформатика включает в себя:

-анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках

+разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов

-изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)

-предсказание возможных последствий редактирования генома многоклеточного организма

-анализ последовательности действий исследователя при работе с макромолекулами

3) Описание технологии оценивания

По окончании изучения дисциплины «Б1.О.13 Биоинформатика» предусмотрен зачет в 1 семестре.

Зачет проводится в виде компьютерного теста.

Цель промежуточной аттестации – оценить степень освоения магистрантами дисциплины «Б1.О.13 Биоинформатика» в соответствии с Федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования - магистратура по направлению подготовки 06.04.01 Биология, утвержденным приказом Министерства образования и науки РФ от 11.08.2020 г. № 934. Результатом освоения дисциплины является формирование следующих компетенций: ОПК-8. Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности.

4) Показатели и критерии оценки

Тестирование проводится в компьютерном классе кафедры.

Результат оценивается как «зачтено» или «не зачтено», знания по дисциплине засчитываются, если есть положительный ответ на 70% и более тестовых заданий по данной дисциплине.

1. Положительный ответ на менее чем 70% тестовых заданий свидетельствует о не сформированности компетенций по дисциплине.

2. Положительный ответ на 70– 79% тестовых заданий свидетельствует о низком уровне сформированности компетенций по дисциплине.

3. Положительный ответ на 80– 89% тестовых заданий свидетельствует о среднем уровне сформированности компетенций по дисциплине.

4. Положительный ответ на 90–100% тестовых заданий свидетельствует о высоком уровне сформированности компетенций по дисциплине.