


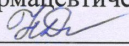


Федеральное государственное бюджетное
образовательное учреждение высшего образования
«Саратовский государственный медицинский
университет имени В. И. Разумовского»
Министерства здравоохранения Российской Федерации

ПРИНЯТА

Ученым советом педиатрического и
фармацевтического факультетов
протокол от 21.06.2023 г. № 5
Председатель
совета  А.П. Аверьянов

УТВЕРЖДАЮ

Декан фармацевтического факультета
 Н.А. Дурнова
«21» июня 2023 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ПРАКТИКИ

ПРАКТИКА ПО БИОИНФОРМАТИКЕ

(наименование учебной дисциплины)

Специальность

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
(код и наименование специальности)

Форма обучения

ОЧНАЯ

(очная, очно-заочная)

Срок освоения ОПОП

5 ЛЕТ

Кафедра микробиологии, вирусологии и иммунологии

ОДОБРЕНА

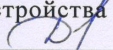
на заседании учебно-методической конференции
кафедры от 26.05.2023 № 4

Заведующий кафедрой



В.В. Кутырев

СОГЛАСОВАНА

Начальник отдела практики и содействия
трудоустройства выпускников ДООД
 Н.Г. Дзукаев

« 14 » 06 2023 г.

СОДЕРЖАНИЕ

1. ВИД ПРАКТИКИ. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ПРАКТИКИ	3
2. СПОСОБЫ И ФОРМЫ ПРОВЕДЕНИЯ ПРАКТИКИ	3
3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРАКТИКИ	4
4. МЕСТО ПРАКТИКИ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	5
5. ТРУДОЕМКОСТЬ ПРАКТИКИ, ФОРМЫ ОТЧЕТА И КОНТРОЛЯ	5
6. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ПРАКТИКИ	5
6.1. Разделы практики и компетенции, которые должны быть освоены при прохождении практики	5
6.2. Самостоятельная работа обучающегося по практике	6
7. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ	7
8. ПЕРЕЧЕНЬ ОСНОВНОЙ И ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ	7
9. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ»	8
10. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ПРАКТИКЕ	8
11. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	8
12. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ	10
13. КАДРОВОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ	10

Рабочая программа практики «Практика по биоинформатике» разработана на основании учебного плана по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденного Ученым Советом Университета (протокол № 5 от 23.05. 2023 г.); в соответствии с ФГОС ВО по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденным Министерством науки и высшего образования Российской Федерации от 12 августа 2020 г. №973.

1. ТИП ПРАКТИКИ. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ПРАКТИКИ.

Вид практики: «Практика по биоинформатике» относится к производственным видам практики. Тип практики – эксплуатационная.

Цель «Практики по биоинформатики» состоит в профессионально-практической подготовке обучающихся, ориентированной на углубление теоретической подготовки и закрепление полученных в учебном процессе теоретических знаний, практических навыков в организации и методах проведения исследований в области практической биоинформатики, освоение современного инструментария биоинформатики и получение навыков его практического применения.

Задачи:

- получение практических навыков работы в Linux;
- получение практических навыков по основам языка программирования высокого уровня (на примере Python);
- получение практических навыков работы с молекулярно-генетическими базами данных;
- получение практических навыков по основам филогенетического анализа и освоение его основных методов;
- получение практических навыков работы с полногеномными последовательностями.

2. СПОСОБЫ И ФОРМЫ ПРОВЕДЕНИЯ ПРАКТИКИ.

2.1. Способы проведения практики.

Практика «Практика по биоинформатике» является стационарной.

Обучающиеся работают на кафедре микробиологии, вирусологии и иммунологии в качестве практикантов под контролем руководителя практики.

2.2. Формы проведения практики (непрерывная/дискретная)

Практика является дискретной, проводится в 8 семестре.

Продолжительность практики - 6 ЗЕТ.

3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРАКТИКИ

Компетенции, формируемые в процессе прохождения практики

Код и наименование компетенции (или ее части)
ОПК-4. Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования.
ИД _{ОПК-4} -1 Знает и понимает основы генетики, токсикологии и биохимии в рамках прикладного применения в области биоинженерии; терминологию, используемую в генетической и клеточной инженерии; основные методы получения рекомбинантных молекул ДНК, способы внедрения рекомбинантных молекул в исследуемые организмы и получение штаммов микроорганизмов и клеточных линий со стабильной экспрессией чужеродных генов; технологию культивирования изолированных клеток и тканей; основы создания и действия противовирусных вакцин и препаратов; подходы к использованию вирусов в биоинженерии и медицине; принципы медико-биологической и генетической оценки генно-инженерно-модифицированных организмов.
ИД _{ОПК-4} -2 Умеет: подбирать оптимальные практические пути использования рекомбинантных ДНК и культур клеток и тканей для решения типичных задач профессиональной области; интерпретировать и оценивать экспериментальную информацию по биологическим объектам; оценивать степень риска работы с генно-инженерными объектами; выбирать подход к созданию биоинженерных конструкций на основе вирусов и оценивать целесообразность использования вирусов для выполнения биоинженерных задач; обосновывать использование различных методов исследования в сферах биоинженерной практики.
ИД _{ОПК-4} -3 Имеет практический опыт: применения методов получения рекомбинантных молекул <i>in vitro</i> , внедрения рекомбинантной ДНК в клетки про- и эукариот; исследований безопасности отдельных видов биоинженерной продукции.
ОПК-5. Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа.
ИД _{ОПК-5} -1 Знает основы биоинформатики; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных геномами.
ИД _{ОПК-5} -2 Умеет получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации.
ИД _{ОПК-5} -3 Имеет практический опыт применения современных методов программирования, навыков работы с биоинформационными ресурсами.
ОПК-6. Способен разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения.
ИД _{ОПК-6} -1. Использует стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики, подбирать необходимые и оптимальные условия проведения научного анализа в зависимости от специфики поставленной задачи с применением методов биоинформатики.
ИД _{ОПК-6} -2. Применяет программные средства, используя ресурсы Интернета применительно к биологическим объектам.
ИД _{ОПК-6} -3. Применяет основные методы получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, методы проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей.
ПК-1. Способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-

исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.
ИД ПК-1.-1. Способен изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования
ИД ПК-1.-2. Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой
ИД ПК-1.-3. Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам
ИД ПК-1.-4. Участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов
ИД ПК-1.-5. Использует методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях

4. МЕСТО ПРАКТИКИ СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Практика по биоинформатике (Б2.П.2) относится к обязательной части, формируемой участниками образовательных отношений Блока 2 «Практика» учебного плана по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика.

Материал практики опирается на ранее приобретенные обучающимися знания и умения по следующим дисциплинам:

1. Микробиология и вирусология (Б1.Б.10).
2. Молекулярная биология (Б1.Б.1)
3. Математический анализ (Б1.Б.14)
4. Базы данных и основные методы биоинформатики (Б1.Б.20)
5. Генетика (Б1.Б.23);
6. Информационные технологии в науке и преподавании (Б1.Б.24);
7. Биоинформатика (Б1.Б.34);
8. Геномика (Б1.Б.35);
9. Метаболомика и протеомика (Б1.Б.38);
10. Методы исследования биологических макромолекул (Б1.Б.41);
11. Основы программирования на языке Python (Б1.В.ОД.4).

5. ТРУДОЕМКОСТЬ ПРАКТИКИ, ФОРМЫ ОТЧЕТА И КОНТРОЛЯ

Вид работы	Всего часов	Формы отчета и контроля	
		Форма отчета	Форма контроля
1	2	3	4
Контактная работа (всего), в том числе:	144		
Аудиторная работа			
Подготовительный этап	6	дневник	собеседование
Производственная практика	68	дневник	собеседование
Сбор, обработка и систематизация фактического материала для оформления дневника практики (статистическая обработка результатов анализа)	30	дневник	собеседование
Ведение дневника практики	40	дневник	собеседование
Самостоятельная работа обучающегося	72		

(СРО)				
Вид промежуточной аттестации	зачет (З)			
	экзамен (Э)	Э	дневник	собеседование
ИТОГО: Общая трудоемкость	час.	216		
	ЗЕТ	6		

6. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ПРАКТИКИ

6.1. Разделы практики и компетенции, которые должны быть освоены при прохождении практики

№ п/п	Индекс компетенции	Наименование раздела практики	Содержание раздела
1	2	3	4
1	ОПК-4 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1	Практика в на кафедре общей микробиологии, вирусологии и иммунологии	Освоение методик, выполнение заданий и анализ полученных данных по следующим темам: Изучение основ работы в Linux. (основные команды. работа в терминале, исполняемые файлы, ввод/вывод, работа с файлами в сети, работа с архивами, поиск файлов и слов в строках, работа на сервере, знакомство с сервером, обмен файлами, запуск приложений, часто используемые в биоинформатике команды). Применение программирования на Python. Работа с файлами в Python. Модули, импорт, модели. Регулярные выражения. Методы работы с таблицами в Python. Агрегация и визуализация данных. Проведение первичного анализа данных Работа с данными в Интернет. Итераторы и генераторы . Изучение молекулярной филогении (филогенетические деревья, листы, узлы, ветви. Гомология и гомоплазия. Форматы. Выравнивание - глобальное, локальное, множественное. Методы построения филогенетических деревьев). Изучение моделей нуклеотидных замен (матрица замен, выбор моделей). Реконструкция предковых последовательностей. Анализ данных полногеномного секвенирования. Ведение дневника.
2	ОПК-4 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1	Сбор, обработка и систематизация фактического материала	Сбор материала, обработка, систематизация фактического материала (для написания научного отчета и статьи)
3.	ОПК-4 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1	Написание научного отчета	Написание научного отчета: анализ данных литературы и описание своих результатов

6.2. Самостоятельная работа обучающегося по практике

№ п/п	Наименование раздела	Виды СРО	Всего часов
1	3	4	5
1	Основы BioLinux.	1. Основные команды. Работа в терминале. Исполняемые файлы. Ввод/вывод. 2. Работа с файлами в сети. 3. Работа с архивами. Поиск файлов и слов в строках. 4. Знакомство с сервером. Обмен файлами. 5. Запуск приложений. Установка приложений. Контроль запускаемых программ.	10
2	Программирование на Python.	1. Функции в языке Python. 2. Модель данных, объекты, типы и классы. Области видимости, пространства имен и классы. Работа с файлами в Python 3. Модули, импорт, модели. Регулярные выражения. 4. Работы с таблицами в Python. Агрегация и визуализация данных. Проведение первичного анализа данных. 5. Работа с данными в Интернет	10
3	Молекулярная филогения.	1. Филогенетические деревья. 2. Листы, узлы, ветви. 3. Гомология и гомоплазия. 4. Выравнивание - глобальное, локальное 5. Выравнивание множественное.	20
4	Модели нуклеотидных замен.	1. Матрица замен. 2. Модель как марковская цепь 1-го порядка. 3. Неравномерность скоростей замен, гамма-распределение. 4. Выбор моделей.	10
5	Анализ секвенирования данных	1. Виды секвенирования. 2. Три поколения секвенирования: принципы, преимущества и недостатки. 3. Анализ полногеномного секвенирования прокариот.	22
ИТОГО			72

7. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации обучающихся по «Практике по биоинформатике» в полном объеме представлен в Приложении 1.

Методические материалы, определяющие процедуру оценивания результатов освоения практики, представлены в положении о балльно-рейтинговой системе оценки академической успеваемости обучающихся.

8. ПЕРЕЧЕНЬ ОСНОВНОЙ И ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

8.1. Основная литература

Печатные источники:

№	Издания	Количество экземпляров
1	2	3
1	Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.	1

Электронные источники

№	Издания
1	2
Основные источники	
1.	Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html
2	Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: https://e.lanbook.com/book/163915
Дополнительная литература	
3.	Сыромятников В. П. Структуры и алгоритмы обработки данных: Практикум. МИРЭА - Российский технологический университет. 2020. – 244 с. Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: https://e.lanbook.com/book/314972
4	Порозов Ю.Б. Биоинформатика. Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики. 2012. -52. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: https://e.lanbook.com/book/43567
5	Миронов А.А. Биоинформатика. 17 видеолекций, https://teach-in.ru/course/bioinformaticsironov/lectnre
6	Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Электронный ресурс] / ред. К. Уилсон, Дж. Уолкер; пер. с англ. - 3-е изд. - М. : Лаборатория знаний, 2020. Методы в биологии ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785001017868.html

Электронные образовательные ресурсы, используемые в процессе преподавания дисциплины:

№ п/п	Наименование и краткая характеристика электронных образовательных и информационных ресурсов (электронных изданий и информационных баз данных)
1	3
1.	U.S. National Library of Medicine – http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed
2.	Научный портал по биоинформатике – http://www.bioinformatix.ru/
3.	База данных генов и геномов GenBank – http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/index.html
4.	База данных структур биологических макромолекул Protein Data Bank (PDB) – http://www.rcsb.org/pdb/
5.	Программный пакет EMBOSS (The European Molecular Biology Open Software Suite)

	http://emboss.sourceforge.net/
6.	Сайт визуализации метаболических и сигнальных путей KEGG (http://www.genome.jp/dbgetbin/show_pathway?hsa04010+5894)
7.	База данных PPSEARCH (http://www.ebi.ac.uk/Tools/ppsearch/) (поиск мотивов в последовательностях и предсказание функции белка)
8.	База данных доменов и семейств белков PROSITE (http://ca.expasy.org/prosite/)

9. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ»

№ п/п	Сайты
1	Консультант студента, электронная библиотека высшего учебного заведения https://www.studentlibrary.ru/
2	Образовательный портал ФГБОУ ВО Саратовский ГМУ им. В.И. Разумовского http://el.sgmu.ru/
4	Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU https://elibrary.ru/
6	Политематическая реферативная и наукометрическая база данных Web of Science http://www.webofscience.com/

Перечень биоинформатических программ

ACTjArtemis_Comparison_Tool) - геномный анализ.

Arlequin- анализ популяционно-генетических данных.

BioEdit- редактор множественного выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

BioNumerics- коммерческий универсальный пакет программ.

BLAST- поиск родственных последовательностей в базе данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

Clustal- множественное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

DnaSP- анализ полиморфизма последовательностей ДНК.

FigTree- редактор филогенетических деревьев.

Genepop- популяционно-генетический анализ.

Genetix- популяционно-генетический анализ (программа доступна только на французском языке).

JalView- редактор множественного выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

MacClade- коммерческая программа для интерактивного эволюционного анализа данных

MEGA- молекулярно-эволюционный генетический анализ.

Mesquite- программа для сравнительной биологии на языке.

Java Muscle- множественное сравнение нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Более быстрая и точная по сравнению с ClustalW.

RAUP- филогенетический анализ с использованием метода парсимонии (и других методов)

PHYLP- пакет филогенетических программ.

Phylo_win- филогенетический анализ. Программа имеет графический интерфейс.

PopGene- анализ генетического разнообразия популяций.

Populations- популяционно-генетический анализ PSI.

Protein_Classifier - обобщение результатов, полученных с помощью программы PSI.

BLAST Seaview- филогенетический анализ (с графическим интерфейсом).

Sequin- депонирование последовательностей в GenBank, EMBL, DDBJ.

SPAdes - сборщик бактериальных геномов SplitsTree.

T-Coffee - множественное прогрессивное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Более чувствительное, чем в ClustalW/ClustalX..

UGENE - свободный русскоязычный инструмент, множественное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, филогенетический анализ, аннотирование, работа с базами данных.

Velvet - сборщик геномов.

Биоинформатика последовательностей:

FASTA формат предназначен для обозначения аминокислот и азотистых оснований;

Alignment - аминокислотных и нуклеотидных последовательностей в молекулах биополимерах - белках и нуклеиновых кислотах;

Программы для проведения выравнивания последовательностей:

Clustal <https://ru.wikipedia.org/wiki/Clustal>

ClustalW <https://ru.wikipedia.org/wiki/Clustal>.

10. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ

Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины представлены в приложении 2.

11. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

Технологии, используемые при осуществлении образовательного процесса при прохождении обучающимися практики «Практика по биоинформатике», включая перечень программного обеспечения и информационных справочных систем.

1. Страница отдела практики и содействия трудоустройству выпускников СГМУ <http://uokod.sgmru.ru/czyv>

2. Образовательный портал СГМУ: <http://el.sgmru.ru/>

3. Доступ к электронно-библиотечным системам (ЭБС), сформированным на основании прямых договоров и государственных контрактов с правообладателями на 2022-2023 гг:

- ЭБС «Консультант студента» <http://www.studentlibrary.ru/> ООО «Политехресурс» Контракт № 797КС/11-2022/414 от 21.12.2022, срок доступа до 31.12.2023
- ЭБС IPRsmart <http://www.iprbookshop.ru/> ООО Компания «Ай Пи Ар Медиа» Лицензионный договор № 9193/22К/247 от 11.07.2022, срок доступа до 14.07.2023г.
- Национальный цифровой ресурс «Рукопонт» <http://www.rucont.lib.ru> ООО Центральный коллектор библиотек "БИБКОМ" Договор № 418 от 26.12.2022, срок доступа до 31.12.2023

5. Программное обеспечение:

Перечень лицензионного программного обеспечения	Реквизиты подтверждающего документа
Microsoft Windows	40751826, 41028339, 41097493, 41323901, 41474839, 45025528, 45980109, 46073926, 46188270, 47819639, 49415469, 49569637, 60186121, 60620959, 61029925, 61481323, 62041790, 64238801,

	64238803, 64689895, 65454057, 65454061, 65646520, 69044252 – срок действия лицензий – бессрочно.
Microsoft Office	40751826, 41028339, 41097493, 41135313, 41135317, 41323901, 41474839, 41963848, 41993817, 44235762, 45035872, 45954400, 45980109, 46073926, 46188270, 47819639, 49415469, 49569637, 49569639, 49673030, 60186121, 60620959, 61029925, 61481323, 61970472, 62041790, 64238803, 64689898, 65454057 – срок действия лицензий – бессрочно.
Kaspersky Endpoint Security, Kaspersky Anti-Virus	№ лицензии 2B1E-230301-122909-1-5885 с 2023-03-01 по 2024-03-10, количество объектов 3500.
CentOSLinux	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно
SlackwareLinux	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно
MoodleLMS	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно
DrupalCMS	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно

IRsolution 1.50	206-73801-91
ICoon	776A4152
LCsolution 1.25	223-07340-91
UVProbe 2.31	206-21411-91
Titrate – 5.0 Base	120927-4
GCsolution 2.32	223-07601-91

12. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Практика по биоинформатике» представлено в приложении 3.

13. КАДРОВОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Сведения о кадровом обеспечении, необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Методы выявления контрафактной продукции» представлены в приложении 4.

Разработчики:

Доцент, к.м.н.

занимаемая должность



подпись

Т.А. Кульшань

инициалы, фамилия

ЛИСТ РЕГИСТРАЦИИ ИЗМЕНЕНИЙ В РАБОЧУЮ ПРОГРАММУ

Учебный год	Дата и номер изменения	Реквизиты протокола	Раздел, подраздел или пункт рабочей программы	Подпись регистрирующего изменения
20__-20__				
20__-20__				
20__-20__				
20__-20__				



Федеральное государственное бюджетное
образовательное учреждение высшего образования
«Саратовский государственный медицинский
университет имени В. И. Разумовского»
Министерства здравоохранения Российской Федерации

УТВЕРЖДАЮ

Декан фармацевтического факультета

Н.А. Дурнова

«21» июня 2023 г.

**ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ
ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

Дисциплина:

ПРАКТИКА ПО БИОИНФОРМАТИКЕ

(наименование дисциплины)

Специальность:

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

(код и наименование специальности)

Квалификация:

Биоинженер и биоинформатик

(квалификация (степень) выпускника)

1. КАРТА КОМПЕТЕНЦИЙ

Контролируемые компетенции	Планируемые результаты обучения
<p>ОПК-4. Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования.</p>	<p>ИДопк-4.-1 Знает и понимает основы генетики, токсикологии и биохимии в рамках прикладного применения в области биоинженерии; терминологию, используемую в генетической и клеточной инженерии; основные методы получения рекомбинантных молекул ДНК, способы внедрения рекомбинантных молекул в исследуемые организмы и получение штаммов микроорганизмов и клеточных линий со стабильной экспрессией чужеродных генов; технологию культивирования изолированных клеток и тканей; основы создания и действия противовирусных вакцин и препаратов; подходы к использованию вирусов в биоинженерии и медицине; принципы медико-биологической и генетической оценки генно-инженерно-модифицированных организмов.</p> <p>ИДопк-4.-2 Умеет: подбирать оптимальные практические пути использования рекомбинантных ДНК и культур клеток и тканей для решения типичных задач профессиональной области; интерпретировать и оценивать экспериментальную информацию по биологическим объектам; оценивать степень риска работы с генно-инженерными объектами; выбирать подход к созданию биоинженерных конструкций на основе вирусов и оценивать целесообразность использования вирусов для выполнения биоинженерных задач; обновлять использование различных методов исследования в сферах биоинженерной практики.</p> <p>ИДопк-4.-3 Имеет практический опыт: применения методов получения рекомбинантных молекул <i>in vitro</i>, внедрения рекомбинантной ДНК в клетки про- и эукариот; исследований безопасности отдельных видов биоинженерной продукции.</p>
<p>ОПК-5. Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые</p>	<p>ИДопк-5.-1 Знает основы биоинформатики; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных геномами.</p>

<p>кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа.</p>	<p>ИДопк-5.-2 Умеет получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации.</p> <p>ИДопк-5.-3 Имеет практический опыт применения современных методов программирования, навыков работы с биоинформационными ресурсами.</p>
<p>ОПК-6. Способен разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения.</p>	<p>ИДопк-6.-1. Использует стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики, подбирать необходимые и оптимальные условия проведения научного анализа в зависимости от специфики поставленной задачи с применением методов биоинформатики.</p> <p>ИДопк-6.-2. Применяет программные средства, используя ресурсы Интернета применительно к биологическим объектам.</p> <p>ИДопк-6.-3. Применяет основные методы получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, методы проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей.</p>
<p>ПК-1. Способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.</p>	<p>ИД ПК-1.-1. Способен изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.</p> <p>ИД ПК-1.-2. Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.</p> <p>ИД ПК-1.-3. Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам</p> <p>ИД ПК-1.-4. Участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов.</p> <p>ИД ПК-1.-5. Использует методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-</p>

диагностических исследованиях.

ПОКАЗАТЕЛИ ОЦЕНИВАНИЯ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

Экзамен

Семестр	Шкала оценивания		
	«неудовлетворительно»	«удовлетворительно»	«хорошо»
8	<p>Студент не способен самостоятельно выделять главные положения в изученном материале</p> <p>Не знает:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современные методы биоинформатики, - современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - основы программирования на Python, основные функции, типы данных, переменные, регулярные выражения этого языка 	<p>Студент усвоил основной материал дисциплины, но имеет пробелы в усвоении материала, не препятствующие дальнейшему усвоению учебного материала.</p> <p>Имеет несистематизированные знания о:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современных методах биоинформатики, - современных компьютерных технологиях для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - основах программирования на Python, основных функциях, типах данных, переменных, регулярных выражениях этого языка - механизмах сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных в геноме 	<p>Студент способен выделять главные положения в изученном материале.</p> <p>Знает основные:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современные методы биоинформатики, - современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - основы программирования на Python, основные функции, типы данных, переменные, регулярные выражения этого языка - механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных в геноме - методы анализа генома и протеома живых организмов.
	<p>Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала дисциплины.</p> <p>Знает основные:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современные методы биоинформатики, - современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - основы программирования на Python, основные функции, типы данных, переменные, регулярные выражения этого языка - механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных в геноме - основные принципы, методы анализа генома и протеома живых организмов. 	<p>Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала дисциплины.</p> <p>Знает основные:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современные методы биоинформатики, - современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - основы программирования на Python, основные функции, типы данных, переменные, регулярные выражения этого языка - механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных в геноме - основные принципы, методы анализа генома и протеома живых организмов. 	<p>Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала дисциплины.</p> <p>Знает основные:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современные методы биоинформатики, - современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - основы программирования на Python, основные функции, типы данных, переменные, регулярные выражения этого языка - механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных в геноме - основные принципы, методы анализа генома и протеома живых организмов.

	<p>системами и реализацией программ, заложённых геномами, принципы, положённые в основу методов анализа генома и протеома живых организмов.</p>	<p>геномами, принципы, положённые в основу методов анализа генома и протеома живых организмов.</p>		<p>анализа генома и протеома живых организмов.</p>
уметь				
8	<p>Студент не умеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> - самостоятельно выявлять биоинформатики в предметной области, их взаимосвязь со смежными областями, - находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, - применять новейшие современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - применять навыки работы с компьютерными базами данных для анализа геномики и протеомики, - применять навыки работы с компьютерными базами данных для анализа геномики и протеомики, 	<p>Студент испытывает затруднения при:</p> <ul style="list-style-type: none"> использовании информации, накопленной в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, применении новейших современных компьютерных технологий для обработки и анализа данных геномики и протеомики, применении навыков работы с компьютерными базами данных для анализа биологических объектов, современных компьютерных технологий, языков программирования. 	<p>Студент умеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> - самостоятельно выявлять направления биоинформатики в предметной области, их взаимосвязь со смежными областями, - находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, - применять новейшие современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - применять навыки работы с компьютерными базами данных для анализа биологических объектов, современных компьютерных технологий, языки программирования. 	<p>Студент умеет последовательно и свободно выявлять направления биоинформатики в предметной области, их взаимосвязь со смежными областями,</p> <ul style="list-style-type: none"> - находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, - применять новейшие современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - применять навыки работы с компьютерными базами данных для анализа биологических объектов, современных компьютерных технологий, языки программирования.

	<p>- применять современные компьютерные технологии, языки программирования.</p>			
Владеть				
8	<p>Студент не владеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> - основными биоинформатическими средствами анализа, современными компьютерными технологиями для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - навыками работы с молекулярно-геномическими базами данных для анализа биологических объектов, разработкой алгоритмов и компьютерных программ, пригодных для практического применения, - разработкой алгоритмов и компьютерных программ, пригодных для практического применения, языком программирования Python. - методами разработки оригинальных алгоритмов и программ в области биоинформатики с использованием современных технологий 	<p>Студент владеет основными биоинформатическими средствами анализа, современными компьютерными технологиями для обработки и анализа данных геномики и протеомики,</p> <ul style="list-style-type: none"> - навыками работы с молекулярно-геномическими базами данных для анализа биологических объектов, разработкой алгоритмов и компьютерных программ, пригодных для практического применения, - языком программирования Python. - методами разработки оригинальных алгоритмов и программных решений в области биоинформатики с использованием современных технологий 	<p>Студент владеет знаниями всего изученного программного материала, материал излагает последовательно. Допускает незначительные ошибки и недочеты при воспроизведении изученного материала.</p> <p>Студент способен самостоятельно применять основные биоинформатические средства анализа, современные компьютерные технологии для обработки и анализа данных геномики и протеомики,</p> <ul style="list-style-type: none"> - навыки работы с молекулярно-геномическими базами данных для анализа биологических объектов, - разработкой алгоритмов и компьютерных программ, пригодных для практического применения, - языком программирования Python. - методами разработки оригинальных алгоритмов и программ, пригодных для практического применения, языком программирования Python. 	<p>Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала.</p> <p>Студент владеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> - основными биоинформатическими средствами анализа, - современными компьютерными технологиями для обработки и анализа данных геномики и протеомики, - навыками работы с молекулярно-геномическими базами данных для анализа биологических объектов, - разработкой алгоритмов и компьютерных программ, пригодных для практического применения, - языком программирования Python. - методами разработки оригинальных алгоритмов и

	<p>области биоинформатики с использованием современных технологий</p>		<p>- применять методы разработки оригинальных алгоритмов и программных решений в области биоинформатики с использованием современных технологий</p>	<p>программных решений в области биоинформатики с использованием современных технологий</p>
--	---	--	---	---

3. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

3.1 ПЕРЕЧЕНЬ ВОПРОСОВ, ВЫНОСИМЫХ НА ЭКЗАМЕН

1. Основы работы в Linux. Основные команды. Работа в терминале.
2. Исполняемые файлы в Linux. Ввод/вывод. Работа с файлами в сети. Работа с архивами.
3. Работа на сервере. Обмен файлами. Запуск приложений.
4. Функции в языке Python.
5. Синтаксис Python.
6. Модель данных, объекты, типы и классы Python.
7. Области видимости, пространства имен и классы. Работа с файлами в Python.
8. Python. Модули, импорт, модели. Регулярные выражения.
9. Работа с данными в Интернет.
10. Python. Итераторы и генераторы.
11. Основы структур баз данных (записи, поля, объекты).
12. Классификация баз данных.
13. Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые).
14. Архивные базы данных (GeneBank, EMBL, PDB).
15. Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB.
16. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п.
17. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).
18. Метаболические базы данных.
19. Генетические банки (физические карты, OMIM).
20. База данных коротких генетических вариаций (SNP).
21. Основные форматы файлов биологических баз данных.
22. Общие принципы работы с веб-сервисами.
23. Анализ последовательностей биологических полимеров.
24. Возможности BLAST по поиску последовательностей биологических полимеров.
25. Расширенный поиск с применением алгоритмов семейства BLAST.
26. Крупные репозитории веб-сервисов.
27. Выравнивание белковых и нуклеотидных последовательностей.
28. Программы для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности.
29. Функциональные особенности основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn),
30. Функциональные особенности основных групп программ: белковые (blastp, cdart, rpsblast, psi-blast, phi-blast),
31. Функциональные особенности основных групп программ: транскрибирующие (blastx, tblastn, tblastx),
32. Функциональные особенности основных групп программ: геномные и специальные (bl2seq, VecScreen).
33. Визуализация, анализ структурных особенностей, моделирование, описание вторичной и третичной структуры белков с помощью программы RasMol.
34. NCBI, структура, функции.
35. Интернет. HTML. Поисковые системы.

36. PDB. Структура записи PDB. Визуализация, анализ структурных особенностей, моделирование, предсказание вторичной и третичной структуры белков с помощью программы RasMol.
37. Основные базы данных метаболических путей (PATHWAY),
38. Основные базы данных генов (GENES),
39. Основные базы данных лигандов (LIGAND),
40. Основные базы экспериментальных данных по экспрессии генов (EXPRESSION и BRITE) и белков (SSDB).
41. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).
42. Выравнивание биологических последовательностей.
43. Глобальное выравнивание последовательностей.
44. Локальное выравнивание последовательностей.
45. Поиск мотивов совпадения при выравнивании последовательностей.
46. Множественное выравнивание.
47. Взвешенные последовательности. Профиль выравнивания.
48. Преимущество программы PSI-BLAST по сравнению с профилями выравниваний.
49. Точечная матрица сходства, её использование.
50. Сходства и различия графа и орграфа.
51. Оптимальное выравнивание, его отличия от субоптимального.
52. Методы статистической оценки значимости выравниваний.
53. Филогенетический анализ.
54. Филогенетические деревья. Методы кластеризации.
55. Реконструкция филогенетических деревьев.
56. Алгоритмы построения филогенетических деревьев.
57. Кладистика. Кластеризация, Клад.
58. Суть кладистического метода наибольшей экономии.
59. Суть кладистического метода наибольшего правдоподобия.
60. Методы количественного измерения расстояния между двумя данными строками последовательностей.
61. Виды штрафов за делеции. Открытая рамка считывания.
62. Технологии секвенирования.
63. Технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS), обработка их данных и применение результатов в медицинской и научной практике.
64. Сборка генома. Понятие о сборках генома de-novo и по референсу.
65. Картирование ридов для нахождения SNP.

3.2. КЕЙС-ТЕХНОЛОГИИ

1. Даны 2 последовательности: ATTCTCGTTTTTCCCCAGTAGAGGTGATAATATG и ATCTCGCTTATTTCCAAGGCGTGGTGCTAACATC.
Сделайте выравнивание. Транслируйте их в последовательность аминокислот. Сравните полученные аминокислотные последовательности. Можно ли по этим фрагментам определить функцию продукта трансляции?
2. Имеется сиквенс некоторого гена. Представлена его нуклеотидная последовательность:
atgagtaaaggagaagaacttttactggagtggtcccagttcttgtgaattagatggcgatgtaatggg
caaaaattctctgtagtgagagggtgaaggtgatgcaacatacggaaaacttacccttaattttattg
sactactgggaagctacgtgtccatggccaactgtcactactttctctatggtgttcaatgctctc
aagataccagatcatatgaacagcatgacttttcaagatgcccgaaggttatgtacaggaa

agaactatattttacaagaatgacgggaactacaagacacgtgctgaagtcaagttgaaggtgataccc
ttgtaatagaatcgagttaaaaggattgattttaaagaagatggaacattcttgacacaaaatgga
tacaactataactcacataatgtatacatcatgggagacaaaaccaagaatggcatcaagttaactca
aaattagacacaacattaagaatggaagcgttcaattagcagaccattatcaacaaaatactccaattgg
cgatggccctgtcctttaccagacaaccattacctgtccacacaatctgccctttccaaagatcccaac
gaaaagagagatcacatgatccttcttgagtttgaacagctgctaggattacacatggcatggatgaacatacaaa
Определите ген.

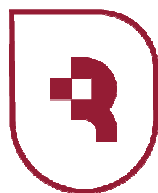
3. Последовательность белка обратной транскриптазы вируса иммунодефицита человека имеет идентификатор NP_057849. Найдите гомологи этого белка.
4. Постройте множественное выравнивание из предыдущего задания.
5. Проведите филогенетический анализ семейства глобинов. В качестве исходной последовательности используйте NP_000509 (бета-глобин человека).
6. Используйте доменную организацию белка HIV-1 gag-pol. Используйте базу данных PDP, идентификатор 4B3O:
 - a. какие домены (Pfam, CATH) присутствуют в белке gag-pol.
 - b. какие домены и мотивы присутствуют в обратной транскриптазе этого белка.
 - c. какие модификации обратной транскриптазы описаны.
 - d. рассмотрите 3D- структуру комплекса обратной транскриптазы с ДНК, сохраните изображение.
 - e. сравните вторичную структуру данного белка из базы данных PDP со вторичной структурой из базы данных DSSP.
7. Представьте информацию о генах: HBV, GN1. Используйте базу данных Gene. Параметры описания:
 - Полное название гена
 - Тип гена
 - Место расположения в хромосоме
 - Место расположения в геноме (в соответствии с последней сборкой генома)
 - Продукт гена
8. Найдите с помощью сервиса NCBI структуру гемоглобина.
9. Расшифруйте запись: g.123A> G
10. Сравните для человеческой эластазы файлы, найденные в категориях «белки» и «нуклеотиды» NCBI. Определите общие для двух файлов функции.

3.3. ПЕРЕЧЕНЬ ТЕСТОВЫХ ЗАДАНИЙ

1. Какая из перечисленных ниже программ используется для множественного выравнивания последовательностей ДНК и белков?
 - А. A. ClustalW
 - Б. BLAST
 - В. DALI
 - Г. CASP
2. Контиг – это
 - А. набор перекрывающихся фрагментов ДНК, которые в совокупности представляют собой консенсусную область ДНК
 - Б. локусы с варьирующим числом tandemных повторов
 - В. полиморфизм коротких tandemных повторов
 - Г. короткий, секвенированный участок ДНК, локализованный в строго определенной области генома
3. Выравнивание – это:
 - А. сравнение последовательностей в поиске идентичных серий символов
 - Б. сравнение последовательностей нуклеотидов с «липкими концами»
 - В. сравнение аминокислотных последовательностей белков по длине
 - Г. сравнение нуклеотидных последовательностей по длине
4. Сколько букв обозначает одну аминокислоту в FASTA-формате
 - А. Одна
 - Б. Две
 - В. Три
 - Г. Четыре
5. Aligment-это
 - А. Выравнивание аминокислотных и нуклеотидных последовательностей
 - Б. Моделирование пространственной структуры белков
 - В. Программа для визуализации результатов выравнивания
 - Г. Алгоритм поиска в больших базах последовательностей
6. Гэпы-это
 - А. Промежутки между аминокислотами при выравнивании последовательностей называются
 - Б. Схожие аминокислоты
 - В. Идентичные аминокислоты
 - Г. Ароматические аминокислоты
7. SNP-типирование — это анализ
 - А. однонуклеотидных полиморфизмов
 - Б. аффинности
 - В. титра иммуноглобулинов класса G
 - Г. экспрессии белка
8. Делеция участка ДНК — это
 - А. потеря участка ДНК в геноме
 - Б. вставка фрагмента ДНК в геном
 - В. обмен между гомологичными хромосомами
 - Г. поворот нуклеотидной последовательности в геноме на 180 градусов
9. Инсерция участка ДНК
 - А. вставка фрагмента ДНК в геном
 - Б. робертсоновская транслокация
 - В. увеличение количества повторов в некодирующей части гена
 - Г. усиление активности промотора ген
10. Капиллярный электрофорез используется в:
 - А. секвенировании по Сенгеру
 - Б. NGS

- В. вестерн-блоте
Г. пиросеквенировании
11. Области применения секвенирования:
А. snp-типирование
Б. анализ титра иммуноглобулинов класса Е
В. определение активности ферментов
Г. определение экспрессии генов
12. Однонуклеотидный полиморфизм - это
А. отличия в последовательности ДНК в один нуклеотид в геноме представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом
Б. отличия в последовательности ДНК в несколько нуклеотидов в геноме представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом
В. различия в белковой последовательности
Г. различия в длине генов у представителей одного вида
13. Пиросеквенирование - это метод секвенирования основанный на
А. детекции высвобождающегося пирофосфата при элонгации цепи ДНК
Б. детекции изменения рН при синтезе цепи ДНК
В. лигировании
Г. обрыве цепи
14. При присоединении нуклеотида к цепи ДНК выделяется
А. пирофосфат
Б. АТФ
В. ДНК-полимераза
Г. фосфотаза
15. Секвенирование ДНК - это
А. прочтение последовательности ДНК
Б. амплификация ДНК in vitro
В. определение специфичности взаимодействия антиген-антитело
Г. определение последовательности мРНК
16. Секвенирование de novo - это
А. расшифровка абсолютно неизвестных последовательностей ДНК
Б. анализ профиля экспрессии генов
В. определение эпигенетической регуляции
Г. ресеквенирование известных последовательностей
17. Какой результат выполнения программы верный?
>>> x = 5
>>> y = "John"
>>> print(x + y)
А. John5;
Б. John + 5;
В. TypeError: unsupported operand type(s) for +: 'int' and 'str'
18. Какой конструкцией обрабатываются исключения?
А. Def
Б. For
В. If else
Г. Try-except
19. Что такое атрибут?
А. Это число классов;
Б. Это класс;
В. Это переменная класса.
20. Что такое функция?
А. Объект, принимающий аргументы и возвращающий значение;

- Б. Структура, определяющая поведение объекта;
 - В. Любой код в Python;
 - Г. Код, заключенный в круглые скобки.
21. Банк, в котором хранится информация о последовательностях аминокислот
- А. UNIPROT
 - Б. GenBank
 - В. PRIDE
 - Г. Pfam
22. Банк, в котором хранится информация о структуре белков
- А. PDB
 - Б. GenBank
 - В. PRIDE
 - Г. Pfam
23. Банк, в котором хранится информация о нуклеотидных последовательностях
- А. GenBank
 - Б. UNIPROT
 - В. PDB
 - Г. PRIDE
24. Чем является NCBI-Entrez
- А. Центральной поисковой системой
 - Б. Банком аминокислотных последовательностей
 - В. Банком нуклеотидных последовательностей
 - Г. Банком белковых структур
25. Какая разновидность BLAST предназначена для сравнения изучаемой нуклеотидной последовательности с базой данных секвенированных геномов и их участков:
- А. Megablast
 - Б. Blastp
 - В. PSI-BLAST
 - Г. Blastx



Федеральное государственное бюджетное
образовательное учреждение высшего образования
**«Саратовский государственный медицинский
университет имени В. И. Разумовского»**
Министерства здравоохранения Российской Федерации

КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ И ИММУНОЛОГИИ

УТВЕРЖДАЮ

Заведующий кафедрой микробиологии,
вирусологии и иммунологии

В.В. Кутырев

«21» июня 2023 г.

**МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ
ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ**

Дисциплина	«Практика по биоинформатике»		
Специальность	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика		
Форма обучения	очная		
Курс	5	Семестр	8

Составители: доцент кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии,
к.м.н. Т.А. Кульшань

Одобрены на заседании учебно-методической конференции кафедры
протокол от «25» мая 2023 г. № 4

1. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ К ПРАКТИЧЕСКИМ ЗАНЯТИЯМ

Практические занятия № 1-3

Тема: Подготовительный этап. (оформление дневника).

Практические занятия № 4-5

Тема: Изучение основ работы в Linux (основные команды. работа в терминале, исполняемые файлы, ввод/вывод, работа с файлами в сети).

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. История и определение.
2. Серверные дистрибутивы
3. Работа с Linux (загрузка, подключение)
4. Установка программ (утилит)
5. Практическое применение.
6. Структура файловой системы и работа с файлами.
7. Типы файлов
8. Права доступа.
9. Процессы и потребление ресурсов сервера

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

1. Гунько, А. В. Системное программирование в среде Linux : учебное пособие / А. В. Гунько. - Новосибирск : НГТУ, 2020. - 235 с. - ISBN 978-5-7782-4160-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785778241602.html>
2. Костромин, В. А. Основы работы в ОС Linux / Костромин В. А. - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : https://www.studentlibrary.ru/book/intuit_209.html

Практические занятия № 6-7

Тема: Изучение основ работы в Linux (работа с архивами, поиск файлов и слов в строках, работа на сервере, знакомство с сервером, обмен файлами, запуск приложений, часто используемые в биоинформатике команды).

Перечень рассматриваемых вопросов:

10. Серверные дистрибутивы
11. Установка программ (утилит)
12. Практическое применение.
13. Структура файловой системы и работа с файлами.
14. Типы файлов
15. Обмен файлами.
16. Запуск приложений.
17. Права доступа.
18. Процессы и потребление ресурсов сервера.
19. Работа с командной строки.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

3. Гунько, А. В. Системное программирование в среде Linux : учебное пособие / А. В. Гунько. - Новосибирск : НГТУ, 2020. - 235 с. - ISBN 978-5-7782-4160-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785778241602.html>
4. Костромин, В. А. Основы работы в ОС Linux / Костромин В. А. - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : https://www.studentlibrary.ru/book/intuit_209.html

Практические занятия № 8-9

Тема: Применение программирования на Python. Работа с файлами в Python. Модули, импорт, модели. Регулярные выражения. Методы работы с таблицами в Python.

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Настройка рабочего окружения.
2. Рабочие платформы.
3. Именованые переменных.
4. Присваивание значения переменным
5. Удаление переменных.
6. Математические операторы.
7. 2. Двоичные операторы.
8. 3. Приоритет выполнения операторов.
9. Операторы для работы с последовательностями
10. Операторы для работы с отображениями.
11. Логический тип данных (bool), возможные значения.
12. Особенности типа для языка программирования Python.
13. Простые инструкции в Python.
14. 2. Составные инструкции в Python.
15. Условные операторы.
16. Циклы.
17. Обработка исключений.
18. Регулярные выражения.
19. Методы работы с таблицами в Python.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

1. Рик Гаско. Простой Python просто с нуля. - Москва : СОЛОН-ПРЕСС, 2021. - 256 с. (Серия "Программирование") - ISBN 978-5-91359-334-4. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785913593344.htm>
2. Сузи, Р. А. Язык программирования Python - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. (Основы информационных технологий) - ISBN 5-9556-0058-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN5955600582.html>
3. Шихи, Д. Р. Структуры данных в Python : начальный курс Москва : ДМК Пресс, 2022. - 186 с. - ISBN 978-5-93700-110-8. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785937001108.html>

4. Саммерфилд, М. Python на практике - Москва : ДМК Пресс, 2014. - 338 с. - ISBN 978-5-97060-095-5. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970600955.html>

5. Федоров, Д. Ю. Программирование на языке высокого уровня Python: учебное пособие для вузов / Д. Ю. Федоров. — 3-е изд., перераб. и доп. — Москва : Издательство Юрайт, 2022. — 210 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5- 534-14638-7. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/492920>

Практические занятия № 10-11

Тема: Применение программирования на Python. Агрегация и визуализация данных. Проведение первичного анализа данных Работа с данными в Интернет. Итераторы и генераторы.

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Встроенные функции.
2. Пользовательские функции.
3. Модули,
4. Импортирование модулей.
5. Пакеты модулей.
6. Создание модулей.
7. Объект класса
8. Изменяемость объектов
9. Копирование объекта
- 10.** Конструктор класса.
- 11.** Деструктор класса.
12. Библиотеки Python, которые можно использовать для графического интерфейса
13. Программирование графического интерфейса
14. Этапы создания графического интерфейса
15. Программирование визуальных объектов
16. Создание визуальных объектов
17. Инструменты для создания визуальных объектов
18. Базы данных.
19. Создание базы данных
20. Связывание данных с конкретными пользователями
21. Миграция базы данных
22. Итераторы и генераторы.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

1. Рик Гаско. Простой Python просто с нуля. - Москва : СОЛОН-ПРЕСС, 2021. - 256 с. (Серия "Программирование") - ISBN 978-5-91359-334-4. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785913593344.htm>

2. Сузи, Р. А. Язык программирования Python - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. (Основы информационных технологий) - ISBN 5-9556-0058-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN5955600582.html>

3. Шихи, Д. Р. Структуры данных в Python : начальный курс Москва : ДМК Пресс, 2022. - 186 с. - ISBN 978-5-93700-110-8. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785937001108.html>

4. Саммерфилд, М. Python на практике - Москва : ДМК Пресс, 2014. - 338 с. - ISBN 978-5-97060-095-5. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970600955.html>

5. Федоров, Д. Ю. Программирование на языке высокого уровня Python: учебное пособие для вузов / Д. Ю. Федоров. — 3-е изд., перераб. и доп. — Москва : Издательство Юрайт, 2022. — 210 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5- 534-14638-7. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/492920>

Практические занятия № 12-13

Тема: Изучение молекулярной филогении (филогенетические деревья, листы, узлы, ветви. Гомология и гомоплазия. Форматы.

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Филогенетические деревья, их особенности: листы, узлы, ветви.
2. Гомология и гомоплазия. Форматы.
3. Методы поиска в базах данных.
4. 2. Программа BLAST.
5. Применение выравнивания в биоинформатике.
6. 2. Значимость выравниваний.
7. Классификация выравниваний.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.

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

3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

Практические занятия № 14-15

Тема: Изучение молекулярной филогении. Выравнивание - глобальное, локальное, множественное. Методы построения филогенетических деревьев.

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Глобальное выравнивание
2. Локальное выравнивание.
3. Множественное выравнивание
4. Какой вид аннотации множественного выравнивания использует программа ClustalW?
5. Что такое профиль выравнивания?
6. В чём преимущество программы PSI-BLAST по сравнению с профилями выравниваний?
7. Какой процесс называют Марковским?

8. В чём преимущество метода скрытых марковских моделей?
9. Какие два выбора с использованием позиционно-специфических таблиц вероятностей делаются в каждом состоянии системы в рамках скрытой марковской модели?
10. Какие три типа задач могут решать программы, в которых реализованы скрытые марковские модели?
11. Методы построения филогенетических деревьев.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

2. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

Практические занятия № 16-17

Тема: Изучение моделей нуклеотидных замен (матрица замен, выбор моделей). Реконструкция предковых последовательностей.

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Какие существуют два метода количественного измерения расстояния между двумя данными строками последовательностей?
2. Какие бывают виды штрафов за делеции?
3. Что такое матрица PAM?
4. Чему соответствует расстояние между последовательностями в 1 PAM?

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Показать, чему равна вероятность мутации замены $V \leftrightarrow M$, если в матрице PAM250 соответствующая цена мутации равна +2?
2. В чём отличие принципа построения матриц BLOSUM от PAM?

Рекомендуемая литература.

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

Практические занятия № 18-19

Тема: Анализ данных полногеномного секвенирования.

Перечень рассматриваемых вопросов:

1. 1. Технологии секвенирования.

2. Технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS), обработка их данных и применение результатов в медицинской и научной практике.
3. Сборка генома. Понятие о сборках генома de-novo и по референсу.
4. Картирование ридов для нахождения SNP.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Выполнение практических заданий по каждой теме.

Рекомендуемая литература.

2. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

Практические занятия № 20-35

Тема: Сбор, обработка и систематизация фактического материала для оформления дневника практики (статистическая обработка результатов анализа)

Рекомендуемая литература.

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>
4. Гунько, А. В. Системное программирование в среде Linux : учебное пособие / А. В. Гунько. - Новосибирск : НГТУ, 2020. - 235 с. - ISBN 978-5-7782-4160-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785778241602.html>
5. Костромин, В. А. Основы работы в ОС Linux / Костромин В. А. - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : https://www.studentlibrary.ru/book/intuit_209.html
6. Рик Гаско. Простой Python просто с нуля. - Москва : СОЛОН-ПРЕСС, 2021. - 256 с. (Серия "Программирование") - ISBN 978-5-91359-334-4. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785913593344.htm>
7. Сузи, Р. А. Язык программирования Python - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. (Основы информационных технологий) - ISBN 5-9556-0058-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN5955600582.html>
8. Шихи, Д. Р. Структуры данных в Python : начальный курс Москва : ДМК Пресс, 2022. - 186 с. - ISBN 978-5-93700-110-8. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785937001108.html>

9. Саммерфилд, М. Python на практике - Москва : ДМК Пресс, 2014. - 338 с. - ISBN 978-5-97060-095-5. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970600955.html>

10. Федоров, Д. Ю. Программирование на языке высокого уровня Python: учебное пособие для вузов / Д. Ю. Федоров. — 3-е изд., перераб. и доп. — Москва : Издательство Юрайт, 2022. — 210 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5- 534-14638-7. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/492920>

Практические занятия № 35-55

Тема: Написание научного отчета: анализ данных литературы и описание своих результатов. Ведение дневника практики.

Рекомендуемая литература.

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>
4. Гунько, А. В. Системное программирование в среде Linux : учебное пособие / А. В. Гунько. - Новосибирск : НГТУ, 2020. - 235 с. - ISBN 978-5-7782-4160-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785778241602.html>
5. Костромин, В. А. Основы работы в ОС Linux / Костромин В. А. - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : https://www.studentlibrary.ru/book/intuit_209.html
6. Рик Гаско. Простой Python просто с нуля. - Москва : СОЛОН-ПРЕСС, 2021. - 256 с. (Серия "Программирование") - ISBN 978-5-91359-334-4. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785913593344.htm>
7. Сузи, Р. А. Язык программирования Python - Москва : Национальный Открытый Университет "ИНТУИТ", 2016. (Основы информационных технологий) - ISBN 5-9556-0058-2. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN5955600582.html>
8. Шихи, Д. Р. Структуры данных в Python : начальный курс Москва : ДМК Пресс, 2022. - 186 с. - ISBN 978-5-93700-110-8. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785937001108.html>
9. Саммерфилд, М. Python на практике - Москва : ДМК Пресс, 2014. - 338 с. - ISBN 978-5-97060-095-5. - Текст : электронный // ЭБС "Консультант студента" : [сайт]. - URL : <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970600955.html>
10. Федоров, Д. Ю. Программирование на языке высокого уровня Python: учебное пособие для вузов / Д. Ю. Федоров. — 3-е изд., перераб. и доп. — Москва : Издательство Юрайт, 2022. — 210 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5- 534-14638-7. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/492920>

Приложение 3.

Сведения о материально-техническом обеспечении,
необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине
«Практика по биоинформатике»

№ п/п	Адрес (местополо- жение) здания, строения, сооружения, помещения	Собственность или оперативное управление, хозяйственное ведение, аренда, субаренда, безвозмездное пользование	Назначение оснащенных зданий, сооружений, помещений, территорий указанием площади (кв.м.)	Наименование оборудованных учебных кабинетов, объектов для проведения практических, объектов физической культуры и спорта	Наименование объекта	Инвентарный номер
1.	г. Саратов, ул. Московская 155Е, 2 корпус 2 этаж	Оперативное управление	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м ²	Аудитория № 1 для практических занятий – 28.1 м ²	Стол лабораторный с надстройкой	000210106005919
					Стол – моноблоки с надстройкой	000000619990675
						000210106005848
						000210106005847
						000210106005846
						000210106005845
						000210106005849
						000210106005844
						000210106005843
						000210106005842
				Сушилка для рук	000210106001436	
				Стул – 1шт.	1200000000000823	
				стол рабочий С1400	000210106000408	
				Телевизор “Toshiba” 40S	201811000000742	
				Очиститель ультрафиолетовым воздуха ОВУ-04	2020090000000208	

			«Солнечный бриз» Автоматизированное рабочее место ARM DEPO Neos DE5 AR7-5700G/32Gb3200/SS0480Gb/Г Компьютер персональный (моноблок) 24 БУШТАУ АЮ2401/В560/БЕРТ. 4662 19001-001 Стол лабораторный с надстройкой Столы – моноблоки с надстройкой	202307000000056 2023080000000085 000210106005919 000210106005841 000210106005840 000210106005839 000210106005838 000210106005837 000210106000422 000210106001309 000210106001289 000210106001290 000210106001437 120000000000823 000210106006048 201811000000331 2023010000000005
2.	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м ²	Аудитория № 2 для практических занятий – 29,6 м ²	Сушилка для рук Стул – 1шт. Стол рабочий С-1400 Телевизор “Toshiba” 40S Шкаф (бокс) ламинарный Стол лабораторный с надстройкой Столы – моноблоки с надстройкой	000210106001298 000210106001438 130000000000823
3.	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м ²	Аудитория № 3 для практических занятий – 23.2 м ²	Стол лабораторный с надстройкой Столы – моноблоки с надстройкой Сушилка для рук Стул – 1шт. Стол преподавателя Телевизор “Toshiba” 40S	000210106000490 000210106001291 000210106001292 000210106001293 000210106001294 000210106001295 000210106001296 000210106001297 000210106001298 000210106001438 130000000000823 201811000000332

4.	Оперативное управление	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м ²	Аудитория № 4 для практических занятий – 27,9 м ²	<p>Стол – моноблок с надстройкой</p> <p>Стол – лабораторные с надстройкой</p> <p>Сушилка для рук –</p> <p>Стул – 1шт.</p> <p>Телевизор “Toshiba” 40S</p> <p>Стол преподавателя</p> <p>Облучатель бактерицидный ОБН 150</p> <p>Спектрофотометр ПЭ5400ВИ</p>	<p>000210106005917</p> <p>000210106001299</p> <p>000210106001300</p> <p>000210106001301</p> <p>000210106001302</p> <p>000210106001303</p> <p>000210106001304</p> <p>000210106001305</p> <p>000210106001306</p> <p>000210106001307</p> <p>000210106001308</p> <p>000210106001439</p> <p>1300000000000823</p> <p>2018110000000333</p> <p>000210106001321</p> <p>1300000000000550</p> <p>2020110000000304</p>
5.	Оперативное управление	Научная библиотека, компьютерный класс	Аудитория № 201 для самостоятельной работы 27,7 кв.м.	<p>персональные компьютеры-5, специализированная мебель (компьютерные столы – 5 шт., стулья – 5 шт.), автоматизированное рабочее место (АРМ) для слабовидящих в составе: компьютер Quartis (I5 8400 (2.8)/16GB DDR4/1000 GB HDD/Video IHG/128 GB SSD M2Audio 6 ch/Win Home 10 64bit/Office Pro 2016/NVDA, монитор BENQ 27" EW2775ZH, наушники PHILIPS SHP 1900/10, электронный ручной видео увеличитель (электронная лупа) Bigget B2-35TV, панель вызова ПВ* универсальная, модуль оповещения Око-Старт, клавиатура с большими кнопками для людей с ограниченными</p>	

				возможностями; персональные компьютеры – 5 шт., специализированная мебель (компьютерные столы – 5 шт., стулья – 5 шт.).	
6.	410012, Саратовская область, город Саратов, ул. им. Кутякова И.С., дом 109	Оперативное управление	Компьютерный класс	Аудитория № 202 для самостоятельной работы 30,1 кв.м.	00021010600693 00011010600526 00011010600525 00011010600524 00011010600528 00011010600530 00011010600534 00011010600050 Ун0210136020356 202104000000181
				Доска аудиторная	
				Лекционная аудитория №3 189,5 кв. м	
				Автоматизированное рабочее место DEPO Neos MF524	
				W10_P64/SM/G5420/8GDDR4/SSD12	
				0G/sDVD±RW/23,8"ThF/DSS/KBu/M	
				и/120W/ONSIAIO. тип 3	
				Автоматизированное рабочее место Aquarius Mnb Std T684	201910000000179
				Автоматизированное рабочее место DEPO Neos MF524	202104000000182
				W10_P64/SM/G5420/8GDDR4/SSD12	
				0G/sDVD±RW/23,8"ThF/DSS/KBu/M	
				и/120W/ONSIAIO. тип 3	
				Микроскопы- 20шт	Ун0210136050636
				Стол	000011010602059
				Стол	000021010603026
				Стол	000011010603021
				Стол	000011010603020
				Стол лабораторный с надстройкой	00011010600536
				Стол письменный	0000000004094
				Стол письменный	000210106000998

Стол письменный	000210106001000
Стол письменный	000011010604633
Стол письменный	000011010603029
Стол лабораторный с надстройкой	00011010600529
Стул-15шт	Ун0210136020356
Стул-15шт	130000000000619
Автоматизированное рабочее место КС 15.6 3.3 Ghx/8192 Мб/512SSDГб/HD Graphics620/W10Pro. тип 6	202109000000165
Ноутбук тип 2:Ноутбук LENOVO IdeaPad 330S-15ARR, 15.6", AMD Ryzen 5 2500U 2.0ГГц, 4Гб, 1000Гб, AMD Radeon Vega 8, Windows 10	201811000000244
Автоматизированное рабочее место КС 15.6 3.3 Ghx/8192 Мб/512SSDГб/HD Graphics620/W10Pro. тип 6	202109000000164
Доска аудиторная	21115
Стол президиума	11010600663
Моноблок 1700x900	11010600571
Моноблок 1700x900	11010600577
Моноблок 1700x900	11010600578
Моноблок 1700x900	11010600579
Моноблок 1700x900	11010600581
Моноблок 1700x900	11010600582
Моноблок 1700x900	11010600583
Моноблок 1700x900	11010600584
Моноблок 1700x900	11010600587
Моноблок 1700x900	11010600588
Моноблок 1700x900	11010600594
Моноблок 1700x900	11010600595
Моноблок 1700x900	11010600598
Моноблок 1700x900	11010600600
Моноблок 1700x900	11010600602

									Моноблок 1700x900	11010600604
									Моноблок 1700x900	11010600605
									Моноблок 1700x900	11010600608
									Моноблок 1700x900	11010600615
									Моноблок 1700x900	11010600619
									Моноблок 1700x900	11010600620
									Моноблок 1700x900	11010600623
									Моноблок 850x900	14238
									Моноблок 850x900	14239
									Моноблок 850x900	14240
									Моноблок 850x900	14241
									Моноблок 850x900	14242
									Проектор мультимедийный широкоформатный EPSON EB-108	201910000000244

Приложение №4

Сведения о кадровом обеспечении, необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Практика по биоинформатике»

ФИО преподавателя	Условия привлечения (штатный, внутренний совместитель, внешний совместитель, по договору)	Занимаемая должность, ученая степень/ученое звание	Перечень преподаваемых дисциплин согласно учебному плану	Образование (какое образование профессионального образования окончил, год)	Уровень образования, наименование специальности по диплому, наименование присвоенной квалификации	Объем учебной нагрузки по дисциплине (доля ставки)	Сведения о дополнительном образовании, год		Общий стаж работы	Стаж практической работы по профилю образовательной программы в профильных организациях с указанием периода работы и должности
							спец	пед		
Кульшань Тагьяна Алексеевна	Штатный сотрудник	Доцент, к.м.н.	Микробиология, вирусология	СГМУ, 2004	Специалитет. Лечебное дело, квалификация – врач.	0,08	Профессиональная переподготовка по особо опасным инфекциям (2005 г., ФКУЗ	Профессиональная переподготовка по программе «Педагог профессион	18	2004-2016 –ФКУН РосНИПЧИ «Микроб», отдел молекулярной микробиологии, младший научный
						7	8	9	10	11

Полов Дмитрий Алексеевич	Штатный сотрудник	Ассистент	Клеточные технологии,	СГМУ, 2022	Специалитет. Педиатрия, квалификация - врач-	0,08	РосНИПЧИ «Микроб»; «Полимерная цепная реакция в диагностике инфекционных болезней и индикации патогенных микроорганизмов» (2015 г. ФКУЗ РосНИПЧИ «Микроб»; Повышение квалификации «Информационные технологии в образовании и науке» (СГМУ 2022); Бактериология (2022, СГМУ) Профессиональная переподготовка «Машинное обучение на Python для решения биоинформатических задач»(Бластим, Москва, 72 ч., 2023)	ального обучения, профессионального образования и дополнительного профессионального образования» (2017 г. ГАПОУ СО ЭМК; Педагог профессионального образования (2022, СГМУ)	1	сотрудник, научный сотрудник, старший научный сотрудник
--------------------------	-------------------	-----------	-----------------------	------------	--	------	--	--	---	---

Шереметьев а Анна Сергеевна	Внутренний совместитель	Старший преподава тель	Медици нская биологи я	СГМУ, 2013	высшее, специалитет, фармация, провизор, интернатурса: управление и экономика фармации, профессиона льная переподгото вка: преподавате ль высшей школы	0,08	Интернатурса по специальности «Управление и экономика фармации» (СГМУ, 2014), Повышение квалификации «Фундаментал ьные проблемы общей и клинической патологии (МАНПО, 2018), удостоверение о Повышение квалификации «Фармацевтич еская химия и фармакогнозия , (РУДН, 2018), Повышение квалификации «Содержание и	а «Машинное обучение на Python для решения биоинформати ческих задач»(Бластим, Москва, 72 ч., 2023)	«Преподава тель высшей школы (СГМУ, 2023)	10	
-----------------------------------	----------------------------	------------------------------	---------------------------------	------------	--	------	---	--	--	----	--

						<p>предмет дисциплины фармакогнозия в условиях реализации нового ФГОС ВО по специальности «Фармация» (ИМГМУ им. И.М. Сеченова, 2019), Повышение квалификации «Управление и экономика фармации» (СГМУ, 2020); Повышение квалификации «Информационные технологии в образовании и науке», (СГМУ 2021); Повышение квалификации «Управленческий турнир: конкурентоспособность университета» (МШУ "Сколково", 2022);</p>	<p>ого образования (РМАНПО 2021); Повышение квалификации «Педагог профессионального образования (СГМУ, 2021).</p>		
--	--	--	--	--	--	--	---	--	--

