



## МИНОБРНАУКИ РОССИИ

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования

«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

ФГБОУ ВО «ИГУ»

Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики



### Рабочая программа дисциплины

Наименование дисциплины: Б1.В.19 «ДНК МЕТАБАРКОДИНГ»

: 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

Направленность (профиль): «Биоинженерия и биоинформатика»

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биолого-почвенного  
факультета  
Протокол № 7 от 20.04.2024  
Председатель \_\_\_\_\_ А. Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой физико-химической  
биологии, биоинженерии и биоинформатики  
Протокол № 15 от 17.04.2024  
Зав. кафедрой \_\_\_\_\_ В.П. Саловарова

Иркутск 2024 г.

## Содержание

	стр.
I. Цель и задачи дисциплины .....	3
II. Место дисциплины в структуре ОПОП .....	3
III. Требования к результатам освоения дисциплины .....	3
IV. Содержание и структура дисциплины .....	7
4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов .....	
4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине .....	
4.3 Содержание учебного материала .....	
4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ .....	
4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение в рамках самостоятельной работы студентов .....	
4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов .....	
4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов) .....	
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины .....	14
а) перечень литературы .....	
б) периодические издания .....	
в) список авторских методических разработок .....	
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы.....	
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины .....	17
6.1. Учебно-лабораторное оборудование .....	
6.2. Программное обеспечение .....	
6.3. Технические и электронные средства обучения .....	
VII. Образовательные технологии .....	20
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации .....	21

## **I. Цель и задачи дисциплины:**

**Цель:** Изучить принципы работы методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга как современных подходов идентификации видов и исследования таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.

### **Задачи:**

- изучить вопросы, связанные с применением различных генетических маркеров для видовой идентификации организмов, освоит принципы получения информации о генетических маркерах с помощью технологии секвенирования по Сенгеру и технологий секвенирования нового поколения (HTS - High-throughput sequencing);
- изучить способы основные базы данных и принципы работы с ними для идентификации видов на основе маркерных генетических последовательностей;
- освоить методы анализа данных HTS - High-throughput sequencing при проведении ДНК-метабаркодинга с использованием высокопроизводительных вычислений;
- изучить методы анализа результатов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга при сравнении нескольких сообществ;
- освоить комплекс возможностей методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга для практического применения.

## **II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО**

2.1. Учебная дисциплина Б1.В.19 «ДНК метабаркодинг» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений.

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами: «Математика», «Физика», «Информатика», «Экология», «Иностранный язык», «Спецглавы математики», «Генетика», «Молекулярная генетика», «Алгоритмы биоинформатики».

2.3. Перечень последующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: выполнение ВКР.

## **III. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ**

Процесс освоения дисциплины направлен на формирование компетенций в соответствии с ФГОС ВО и ОП ВО по направлению подготовки 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», специализация «Биоинженерия и биоинформатика»:

ПК-1: Способен осуществлять научно-исследовательскую деятельность по решению фундаментальных и прикладных задач в области физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин

**Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с индикаторами достижения компетенций**

<b>Компетенция</b>	<b>Индикаторы компетенций</b>	<b>Результаты обучения</b>
<p><i>ПК-1</i> Способен осуществлять научно-исследовательскую деятельность по решению фундаментальных и прикладных задач в области физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин</p>	<p><i>ИДК ПК-1.1</i> Знает перспективы междисциплинарных исследований, основные понятия, идеи, достижения и современные направления развития физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин, основные методологические подходы и методы решения задач по тематике научных исследований</p>	<p>Знать: литературу по теме, владеть навивками, анализа информации сети «интернет» для поиска и освоения новых методов в эволюционной биологии ДНК-баркодинге и ДНК-метабаркодинге. Уметь: выбирать оптимальные методы и программы и базы данных в области ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Владеть: методами построение сложных алгоритмов, в составлении конвейеров программ для сравнительного анализа ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга.</p>
	<p><i>ИДК ПК-1.2</i> Умеет использовать в профессиональной деятельности современные представления о процессах жизнедеятельности на всех уровнях организации биологических систем, правильно ставить задачи исследования, обосновывать актуальность, новизну, теоретическую и практическую значимость исследования, выбирать и применять классические и современные методы, прогнозировать перспективы дальнейших исследований</p>	<p>Знать: классификацию алгоритмов, и баз данных для анализа результатов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Уметь: анализировать входные и выходные данные в ходе исследований, проводимых с применением методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Владеть: навыками комбинации методов и информации из баз данных для практической реализации освоенных алгоритмов и программных комплексов.</p>
	<p><i>ИДК ПК-1.3</i> Владеет логикой и терминологическим аппаратом научного исследования, приемами организации работы по сбору, анализу, проведению научных исследований биосистем с использованием соответствующих методов, прикладного ПО и баз данных</p>	<p>Знать: спектр молекулярных маклеров их классификацию и ограничения при планировании исследований с применением методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Уметь: осуществить автоматизированный поиск информации в баз данных при анализе данных и результатов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Владеть: методами анализа комплексных биологических данных с использованием методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга.</p>

#### IV. СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Объем дисциплины составляет 2 зачетных единицы, 72 часов.

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 26 часов.

Форма промежуточной аттестации: зачет.

##### 4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов

№ п/н	Раздел дисциплины/тема	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)				Форма текущего контроля успеваемости/ Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися			Самостоятельная работа	
					Лекция	Семинар/ Практическое, лабораторное занятие/	Консультация		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	<b>Тема 1.</b> Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг.	9	8	2	2	2		4	КСР
2	<b>Тема 2.</b> Базы и банки данных в ДНК-баркодинге.	9	8	2	2	2		4	КСР
3	<b>Тема 3.</b> ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ.	9	14	4	4	4		6	КСР
4	<b>Тема 4.</b> Анализ данных ДНК-метабаркодинга, подход с использованием	9	12	4	4	4		4	КСР

	высокопроизводительных вычислений.								
<b>5</b>	<b>Тема 5.</b> Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга.	9	12	4	4	4		4	КСР
<b>6</b>	<b>Тема 6.</b> Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.	9	8	4	2	2		4	КСР

#### 4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
9	<b>Тема 1.</b> Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних заданий по теме анализ генетических дистанций между маркерными последовательностями, идентификация видов на основе близости генетических дистанций.	1	4	КСР	Раздел 5 а-г
9	<b>Тема 2.</b> Базы и банки данных в ДНК-баркодинге	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних заданий по идентификации видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе алгоритмов парного выравнивания.	2	4	КСР	- « -

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
9	<b>Тема 3.</b> ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних задание по предварительной подготовки и анализу качества последовательностей ДНК полученных в ходе секвенирования нового поколения.	4	6	КСР	- « -
9	<b>Тема 4.</b> Анализ данных ДНК-метабаркодинга, подход с использованием высокопроизводительных вычислений	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних задание по анализу выделению и таксономической идентификации кластеров последовательностей видового уровня при ДНК-метабаркодинге.	5	4	КСР	- « -
9	<b>Тема 5.</b> Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних задание по оценки сходимости результатов ДНК-метабаркодинга и анализу таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.	6	4	КСР	- « -

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
9	<b>Тема 6.</b> Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашнего задания по теме использования кластерного анализа и методов снижения размерности многомерных массивов данных при сравнении таксономического состава сообществ нескольких образцов, полученных при ДНК-метабаркодинге.	8	4	КСР	- « -
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – <b>26</b>						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 26 часов.						

### **4.3 Содержание учебного материала**

#### **Тема 1. Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг.**

В рамках темы рассматриваются различные ДНК маркеры, которые применяются для видовой идентификации организмов различных таксономических групп прокариот (бактерий и архей), микроэкариот, многоклеточных животных, многоклеточных растений и грибоподобных организмов. Изучается вопрос о сравнении маркерных последовательностей путём расчетов генетических дистанций, обсуждаются пороги дистанций, позволяющие идентифицировать родство сравниваемых организмов по маркерным последовательностям. Рассматривается программное обеспечение и программные пакеты для выравнивания маркерных ДНК последовательностей и расчёта генетических дистанций.

#### **Тема 2. Базы и банки данных в ДНК-баркодинге.**

В рамках темы рассматриваются различные базы данных содержащих библиотеки маркерных последовательностей ДНК организмов с известным таксономическим статусом – базы данных бактерий и архей, микроэкариот, многоклеточных животных, многоклеточных растений и грибоподобных организмов. Изучаются алгоритмы сравнения пользовательских последовательностей с маркерными последовательностями из баз данных, основанные на использовании парного выравнивания. Изучаются вопросы скачивания и анализа баз данных маркерных генов с применением высокопроизводительных вычислений.

#### **Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии секвенирования ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ.**

Рассматриваются варианты применения технологий секвенирования ДНК нового поколения (HTS - High-throughput sequencing) для изучения таксономического состава сообществ микроорганизмов на основе массовой параллельной расшифровки маркерных нуклеотидных последовательностей. Изучаются вопросы, связанные с анализом качества расшифровки ДНК. Рассматриваются программы для первичной обработки результатов секвенирования, анализа качества и фильтрации данных.

#### **Тема 4. Анализ данных ДНК-метабаркодинга, подход с использованием высокопроизводительных вычислений.**

В рамках темы рассматриваются различные варианты программ и конвейеров по анализу данных ДНК-метабаркодинга, производящих процедуру кластеризацию последовательностей и выделения групп соответствующих кластерам видового уровня. Приводятся примеры анализа данных с использованием высокопроизводительных вычислений. Рассматриваются процедуры таксономической идентификации кластеров последовательностей видового уровня путем сравнения маркерных фрагментов ДНК с базами данных.

#### **Тема 5. Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэкариот с применением ДНК-метабаркодинга.**

Рассматриваются варианты анализа данных, позволяющих определить достаточность размера выборки расшифрованных маркерных последовательностей ДНК при анализе определенного образца для охвата всего возможного видового разнообразия микроорганизмов. Изучаются различные варианты графической оценки для сравнения показателей таксономического разнообразия нескольких анализируемых образцов. Рассматриваются варианты расчётов различных индексов таксономического разнообразия.

Изучаются возможности языка программирования R для проведения расчетов и визуализации данных о таксономическом разнообразии нескольких сообществ.

**Тема 6. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.**

В рамках темы рассматриваются различные варианты кластерного анализа с применением различных подходов и метрик дистанций для сравнения нескольких образцов по таксономическому составу сообществ на основе результатов ДНК-метабаркодинга. Изучается возможность использования методов снижения размерности многомерных массивов данных для сравнения нескольких сообществ микроорганизмов. Рассматриваются варианты визуализации данных по нескольким сообществам с применением тепловых карт и пузырьковых диаграмм. Изучаются возможности языка программирования R для проведения расчетов по кластерному анализу, применению методов снижения размерности и построению тепловых карт.

**4.3.1. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ**

№ п/н	№ раздела и темы	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (час.)		Оценочные средства	Формируемые компетенции (индикаторы)*
			Всего часов	Из них практическая подготовка		
1	2	3	4	5	6	7
1	<b>Тема 1</b>	Решение задания по теме анализ генетических дистанций между маркерными последовательностями, идентификация видов на основе близости генетических дистанций	2	2	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
2	<b>Тема 2</b>	Решение задания по идентификации видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе алгоритмов парного выравнивания.	2	2	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
3	<b>Тема 3</b>	Решение задания по идентификации видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе	4	4	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>

		алгоритмов парного выравнивания.				
4	<b>Тема 4</b>	Решение задание по анализу выделению и таксономической идентификации кластеров последовательностей видового уровня при ДНК-метабаркодинге.	4	4	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
5	<b>Тема 5</b>	Решение задание по оценки сходимости результатов ДНК-метабаркодинга и анализу таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.	4	4	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
6	<b>Тема 6</b>	Решение задание по теме использование кластерного анализа и методов снижения размерности многомерных массивов данных при сравнении таксономического состава сообществ нескольких образцов, полученных при ДНК-метабаркодинге.	2	2	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>

#### 4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение студентами в рамках самостоятельной работы (СРС)

№ п/п	Тема	Задание	Формируемая компетенция	ИДК
3.	<b>Тема 5.</b> Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга.	Самостоятельное изучение темы «Возможности ДНК-метабаркодинга в изучении таксономического состава сообществ многоклеточных животных». Подготовка посменного отчёта по решению самостоятельного задания по указанной теме.	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>

#### 4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов

Самостоятельная работа студентов является составной частью учебного процесса и имеет целью закрепление и углубление полученных знаний и навыков, поиск и

приобретение новых знаний, а также выполнение учебных заданий, подготовку к предстоящим занятиям, и зачету по предмету.

Для организации самостоятельной работы по дисциплине «ДНК метабаркодинг» используются следующие формы самостоятельной учебной работы:

- Работа по изучению темы с использованием материалов практического занятия.
  - Подбор, изучение, анализ рекомендованной литературы.
  - Изучения тем занятий, вынесенных на самостоятельное изучение, подготовка отчета по решению задач по темам, выносимы на самостоятельное изучение.
- Самостоятельное решения домашних задач по анализу данных на основе опыта, полученного на практических занятиях.
- Подготовка письменных отчетов по решению домашних задач и загрузка отчетов на образовательный портал ИГУ.

Письменный отчет по решению домашних заданий – это отчет о выполнении домашнего задания по темам дисциплины, содержащий следующую информацию:

- Ф.И.О. номер группы студента;
- номер задания;
- формулировка задания;
- описание хода решения задания;
- описание результат решения задания с приведением таблиц и рисунков в соответствии с формулировкой задания.

Критерий оценки отчета по решению домашнего задания:

- Оценка «зачтено». Задание выполнено правильно и в полном объеме, все таблицы и графики согласно формулировке задания предоставлены в отчете.
- Оценка «не зачтено». Задание выполнено неправильно или не в полном объеме, вопрошается на переделку и доработку.

Подготовка к зачету в виде тестирования. К зачету в виде тестирования допускаются студенты, получившие зачеты по всем самостоятельным заданиям.

**4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов):** не предусмотрены учебным планом.

## **V. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **а) перечень литературы**

1. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бинум. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - ISBN 978-5-94774-501-6 (8 экз.)
2. Приставка А. А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / А. А. Приставка, В. П. Саловарова - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - Ч. 1 : Белки. - 2013. - 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7 (69 экз.)
3. Белькова Н.Л. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / Н. Л. Белькова. - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - ISBN 978-5-9624-0956-6. Ч. 2 : Нуклеиновые кислоты. - 2014. - 155 с. - ISBN 978-5-9624-1184-2 (39 экз.)

### **б) дополнительная литература**

1. Игнасимуту С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту ; пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Ин-т компьютер. исслед., 2007. - 316 с. - ISBN 978-5-93972-620-7 (1 экз.)
2. Каменская М.А. Информационная биология / М.А. Каменская. – М.: Академия, 2006. – 361 с. - ISBN 5-7695-2580-0 (8 экз.)

3. Компьютеры и суперкомпьютеры в биологии / Под ред. В.Д. Лахно, М.Н. Устинин. – Москва-Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2002. – 528 с. - ISBN 5-93972-188-5 (2 экз.)
4. Математические методы для анализа последовательностей ДНК. / Под ред. М.С. Уотермена, перевод с англ. – М.: Мир, 1999. – 349 с. - ISBN 5030025200 (1 экз.)
5. Паун Г. ДНК-компьютер. Новая парадигма вычислений / Г. Паун, Г. Розенберг, А. Саломая ; Пер. с англ. Д. С. Ананичева, И. С. Киселевой, О. Б. Финогеновой, ред. М. В. Волков. - М. : Мир, 2004. - 527 с. - ISBN 5-03-003480-3 (1 экз.).
6. Структура и функционирование белков: применение методов биоинформатики / пер. с англ.: В. Н. Новоселецкий, Е. Д. Балицкая, Т. В. Науменкова ; ред. В. Н. Новоселецкий. - М. : УРСС : Ленанд, 2014. - 414 с. - ISBN 978-5-9710-0842-2. -ISBN 978-5-453-00057-9 (1 экз.)
7. Шипунов А. Б., Балдин Е. М., Волкова П.А., и др. Наглядная статистика. Используем R! Издательство: ДМК Пресс, 2014 – 300 с. Книга доступна в свободном доступе по ссылке: <http://ashipunov.info/shipunov/school/books/rbook.pdf>

#### **в) периодические издания**

1. <https://www.matbio.org/> - сайт журнала «Математическая биология и биоинформатика». Содержит большое количество статей в pdf – формате.
2. <https://journal.r-project.org/> - сайт журнала по статистическим методам на R, «The R Journal».

#### **г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы**

1. <http://dmb.biophys.msu.ru> - Информационная система «Динамические модели в биологии», рассчитанная на широкий круг пользователей, включает в себя гипертекстовые документы и реляционные базы данных и обеспечивает унифицированный доступ к разнообразной информации по данной предметной области.
2. <http://www.jcabi.ru/> - сайт объединенного центра вычислительной биологии и биоинформатики
3. <http://mathmod.aspu.ru/> - Сайт совместной лаборатории Института математических проблем биологии Российской академии наук и Астраханского государственного университета
4. <http://www.exponenta.ru/> - образовательный математический сайт
5. <http://www.library.biophys.msu.ru/MathMod/ВМ.НТМЛ> - книга Г.Ю. Ризниченко «Биология математическая»
6. <http://nature.web.ru/db/msg.html?mid=1156624&uri=index.htm> - Бейли Н.. Математика в биологии и медицине. – М.: Мир, 1970.
7. <http://www.biometrica.tomsk.ru/> - электронный журнал «Биометрика» для медиков и биологов – сторонников доказательной биомедицины. Содержит большое количество статей и иных материалов, посвященных математическим моделям в биологии.
8. <http://www.library.biophys.msu.ru/FominBerk/main.htm> - Фомин С.В., Беркинблит М.Б. Математические проблемы в биологии. - М.: Гаука, 1973. - 200 с.
9. <https://www.elibrary.ru> – электронная библиотека научных статей, монографии и материалов конференций, выпущенных Российскими учеными.

10. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> - международная база данных научных статей и монографий, посвященная различным вопросам биологии.
11. <https://apps.webofknowledge.com> – международная база данных, индексирующая научные публикации в высокорейтинговых изданиях

## **VI. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **6.1. Учебно-лабораторное оборудование:**

- Аудитория для проведения занятий лабораторного типа. Компьютерный класс (учебная аудитория). Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блок Athlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. С неограниченным доступом к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации, учебно-наглядными пособиями, обеспечивающими тематические иллюстрации по дисциплине «Моделирование и программирование биопроцессов» в количестве 8 шт., презентации по каждой теме программы.

- Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы. Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блок Athlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; с неограниченным доступом к сети Интернет; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт. С неограниченным доступом к сети Интернет.

- Помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Аудитория оборудована: специализированной мебелью на 11 посадочных мест; Шкаф для документов - 3 шт.; Сейф – 1 шт.; Шкаф-купе - 2 шт.; Принтер цв. Canon LBR-5050 Laser Printer; Принтер Canon LBP-3010; Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт.

### **6.2. Программное обеспечение:**

DreamSpark Premium Electronic Software Delivery (3 years) Renewal (Windows 10 Education 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Windows 7 Professional with Service Pack 1 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Windows Server 2008 Enterprise and Standard without Hyper-V with SP2 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Access 2016 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Access 2010 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine). Договор №03-016-14 от 30.10.2014г.

Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition. 250-499. Форум Контракт №04-114-16 от 14ноября 2016г KES. Счет №РСЦЗ-000147 и АКТ от 23ноября 2016г Лиц. №1В08161103014721370444.

Microsoft Office Enterprise 2007 Russian Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 43364238.

Microsoft Windows XP Professional Russian Upgrade Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 41059241.

Office 365 профессиональный плюс для учащихся. Номер заказа: 36dde53d-7cdb-4cad-a87f-29b2a19c463e.

### 6.3. Технические и электронные средства:

Презентации по всем темам курса.

## VII. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

При реализации различных видов учебной работы дисциплины используются как стандартные методы обучения, так и интерактивные формы проведения занятий.

*Стандартные методы обучения:*

1. Информационная лекция.
2. Практические занятия, предназначенные для освоения студентами базовых методов анализа данных и использованию математических методов с помощью методов математического анализа
3. Самостоятельная работа студентов (выполнение домашних заданий, выполнения домашних заданий по тема для самостоятельного изучения, подготовка к тесту для зачета).
4. Консультации преподавателя.

*Дистанционные образовательные технологии.* Под дистанционными образовательными технологиями понимаются образовательные технологии, реализуемые в основном с применением информационно-телекоммуникационных сетей - интернет-технология – задействование образовательного портала ИГУ - educa.isu.ru для предоставления письменных отчетов по домашним работам.

### Наименование тем занятий с использованием дистанционные образовательные технологии:

№	Тема занятия	Вид занятия	Применяемая дистанционная технология	Кол-во часов
1	<b>Тема 1.</b> Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
2	<b>Тема 2.</b> Базы и банки данных в ДНК-баркодинге	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
3	<b>Тема 3.</b> ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	6

	таксономического состава сообществ			
4	<b>Тема 4.</b> Анализ данных метабаркодинга, подход с использованием высокопроизводительных вычислений	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
5	<b>Тема 5.</b> Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
6	<b>Тема 6.</b> Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
Итого часов				26

### **VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

Входного контроля оценки уровня знаний студентов для данной дисциплины не предусмотрено.

#### ***Оценочные материалы текущего контроля***

Оценочные материалы текущего контроля формируются в соответствии с ЛНА университета.

В рамках дисциплины «ДНК метабаркодинг» используются следующие формы текущего контроля:

- письменная работа по решению самостоятельных заданий (все формулировки заданий для самостоятельного решения с необходимыми сопроводительными материалами выложены на образовательном портале ИГУ в темах курса «ДНК метабаркодинг»);

**Перечень письменных работ для самостоятельного выполнения по разделам – темам дисциплины.**

**Задание по теме 1:**

**Задание по теме 2:**

**Задание по теме 3:**

**Задание по теме 4:**

**Задание по теме 5:**

**Задание по теме 6:**

### ***Оценочные средства для промежуточной аттестации***

*Промежуточная аттестация* проходит в форме зачета (9 семестр), к которому допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу. Студенты, имеющие задолженность, должны выполнить все обязательные виды деятельности.

Фонд оценочных средств для промежуточной аттестации включает:

- тестовые задания для зачета.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенций ПК-1 (см. п. III).

Тестовое задание включает два варианта по 20 вопросов по всем темам курса. К тесту допускаются студенты, сдавшие все домашние задания и получившие по каждому заданию зачет.

### **Критерий оценивания тестового задания для зачета**

<b>№</b>	<b>Тип задания</b>	<b>Критерии оценки</b>	<b>Результат оценивания</b>
1	Задание закрытого типа на установление соответствия	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного верного ответа из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание комбинированного типа с выбором нескольких верных ответов из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов

5	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если ответ совпадает с эталонным ответом по содержанию и полноте	Полное соответствие эталонному ответу – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
---	--	--	---

### Система получения баллов за тестирование

Оценка	критерий
зачтено	15 и более баллов
незачтено	14 баллов и менее

**Оценочные материалы для промежуточной аттестации (зачета)**

**Тестирование (Вариант 1).**

<b>Индекс и содержание формируемой компетенции</b>	<b>Индикаторы компетенций</b>	<b>Тестовые задания для промежуточной аттестации</b>
<p><i>ПК-1</i> Способен осуществлять научно-исследовательскую деятельность по решению фундаментальных и прикладных задач в области физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин</p>	<p><i>ИДК ПК-1.1</i> Знает перспективы междисциплинарных исследований, основные понятия, идеи, достижения и современные направления развития физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин, основные методологические подходы и методы решения задач по тематике научных исследований</p> <p><i>ИДК ПК-1.2</i> Умеет использовать в профессиональной деятельности современные</p>	<p><b>Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из четырех предложенных с аргументацией выбора</b></p> <p><b>Вопрос 1.</b> Какой маркер чаще всего используется для идентификации бактерий в ДНК-баркодинге?                      А) COI                      В) ITS                      С) 16S rRNA                      D) 18S rRNA                      Ответ _____                      Правильный ответ: С                      Аргументация:                      Ген 16S рРНК (16S rRNA) является стандартным маркером для идентификации бактерий и архей, так как содержит как консервативные, так и переменные участки, что позволяет различать даже близкородственные виды</p> <p><b>Вопрос 2.</b> Какой подход используется для оценки родства организмов по маркерным последовательностям?                      А) Филогенетическое дерево                      В) Генетическая дистанция                      С) Секвенирование по Сенгеру                      D) Биохимический анализ                      Ответ _____                      Правильный ответ: В                      Аргументация:                      Генетическая дистанция — количественная мера различий между последовательностями. Она применяется при выравнивании баркодных фрагментов, чтобы оценить степень родства между организмами.</p> <p><b>Вопрос 3.</b> Что представляет собой функция pairwiseAlignment в контексте ДНК-баркодинга?                      А) Визуализация данных</p>

	<p>представления о процессах жизнедеятельности на всех уровнях организации биологических систем, правильно ставить задачи исследования, обосновывать актуальность, новизну, теоретическую и практическую значимость исследования, выбирать и применять классические и современные методы, прогнозировать перспективы дальнейших исследований</p>	<p>В) Массовое секвенирование  С) Сравнение последовательностей  D) Расчет биологических индексов  Ответ _____  Правильный ответ: С  Аргументация:  pairwiseAlignment используется в биоинформатике для парного выравнивания нуклеотидных или аминокислотных последовательностей с целью оценки их сходства.</p> <p><b>Вопрос 4.</b>  Какая база данных предназначена для хранения баркод-последовательностей животных?  A) BOLD  B) GenBank  C) SILVA  D) DADA2  Ответ _____  Правильный ответ: А  Аргументация:  BOLD (Barcode of Life Data Systems) — специализированная база данных, содержащая баркодные последовательности (в основном COI) для животных.</p> <p><b>Вопрос 5.</b>  Что такое E-value в BLAST-сравнении?  A) Количество ошибок в чтении  B) Скорость секвенирования  C) Статистическая значимость совпадения  D) Мера мутаций  Ответ _____  Правильный ответ: С</p>
--	--	--

	<p><i>ИДК ПК-1.3</i> Владеет логикой и терминологическим аппаратом научного исследования, приемами организации работы по сбору, анализу, проведению научных исследований биосистем с использованием</p>	<p>Аргументация: E-value показывает вероятность случайного совпадения между двумя последовательностями. Чем меньше значение, тем значимее результат выравнивания.</p> <p><b>Вопрос 6.</b> Какой метод применяется при массовом секвенировании ДНК в метабаркодинге? А) ПЦР-амплификация В) Электрофорез С) High-throughput sequencing (HTS) D) Нуклеарная окраска Ответ _____ Правильный ответ: С Аргументация: Методы HTS (высокопроизводительное секвенирование) позволяют параллельно расшифровывать тысячи маркерных последовательностей, что особенно важно при анализе сложных микробных сообществ.</p>
	<p>соответствующих методов, прикладного ПО и баз данных</p>	<p><b>Вопрос 7.</b> Что означает термин «фильтрация по качеству» в анализе HTS-данных? А) Удаление дубликатов В) Удаление коротких последовательностей С) Исключение некорректных чтений D) Расчет таксономического индекса Ответ _____ Правильный ответ: С Аргументация: Фильтрация по качеству — это удаление низкокачественных, сомнительных прочтений, которые могут повлиять на точность анализа таксономического состава.</p>
		<p><b>Вопрос 8.</b> Какой тип кластеризации часто применяется в метабаркодинге для группировки похожих последовательностей? А) UPGMA В) OTU-кластеризация С) Neighbor-Joining D) PCA Ответ _____ Правильный ответ: В Аргументация: OTU-кластеризация (Operational Taxonomic Units) — стандартный метод группировки прочтений по сходству</p>

		<p>(обычно 97%), применяемый в метабаркодинге.</p> <p><b>Вопрос 9.</b>          Что такое ASV (Amplicon Sequence Variant)?          А) Клон организма          В) Видовой уровень идентификации          С) Уникальная нуклеотидная последовательность          D) Метод сбора образцов</p> <p>Ответ _____          Правильный ответ: С          Аргументация:          ASV — это уникальная последовательность ампликона, определённая с точностью до одного нуклеотида, что делает анализ более точным по сравнению с OTU.</p> <p><b>Вопрос 10.</b>          Какая мера таксономического разнообразия учитывает как богатство, так и равномерность видов?          А) Общее количество видов          В) Индекс Шеннона          С) Число OTU          D) Длина последовательности</p> <p>Ответ _____          Правильный ответ: В          Аргументация:          Индекс Шеннона учитывает как общее количество таксонов (богатство), так и равномерность их распределения в сообществе.</p> <p><b>Вопрос 11.</b>          Для чего используется rarefaction-кривая?          А) Определение точности чтения          В) Оценка полноты отбора видов          С) Идентификация патогенов          D) Построение филогенетического дерева</p> <p>Ответ _____          Правильный ответ: В          Аргументация:          Rarefaction-кривые позволяют определить, насколько глубоко охвачено видовое разнообразие и хватает ли числа прочтений для оценки сообщества.</p>
--	--	--

**Вопрос 12.**

Какая R-функция используется для визуализации таксономического состава с помощью пузырьковой диаграммы?

- A) bubblePlot()
- B) bargplot()
- C) ggplot()
- D) heatmap()

Ответ \_\_\_\_\_

Правильный ответ: C

Аргументация:

ggplot() — мощный инструмент визуализации в R, позволяющий создавать сложные графики, включая пузырьковые диаграммы через `geom_point(size = ...)`.

**Вопрос 13.**

Какая из метрик расстояния используется в кластеризации микробиомных данных?

- A) Hamming
- B) Jaccard
- C) Bray–Curtis
- D) Euclidean

Ответ \_\_\_\_\_

Правильный ответ: C

Аргументация:

Bray–Curtis — наиболее часто применяемая метрика для оценки различий между сообществами по относительному числу таксонов, подходит для экологических данных.

**Задание закрытого типа на установление соответствия**

**Вопрос 14.**

Установите соответствие между функциями языка программирования R и их назначением:

Функция	Назначение
1. mean	A. Вычисление дисперсии выборки
2. var	B. Построение линейной модели
3. lm	C. Расчет среднего значения
4. ggplot	D. Визуализация данных с помощью графиков

Ответ \_\_\_\_\_

Правильный ответ:

1. mean — C
2. var — A
3. lm — B
4. ggplot — D

**Вопрос 15.**

Установите соответствие между функциями языка программирования R и их назначением:

Функция	Назначение
1. length	A. Определение количества элементов в векторе
2. seq	B. Создание числовой последовательности
3. table	C. Построение частотного распределения
4. summary	D. Получение основных статистических характеристик

Ответ \_\_\_\_\_

Правильный ответ:

1. length — A
2. seq — B
3. table — C
4. summary — D

**Задание закрытого типа на установление последовательности**

**Вопрос 16.**

Расположите перечисленные ниже этапы кластерного анализа состава сообщества в правильной последовательности. Предполагается использование иерархической кластеризации на основе дистанций Брея-Кертиса.

Этапы:

A. Визуализация результатов: Построение дендрограммы и ее интерпретация. B. Выбор алгоритма кластеризации: Определение метода аггломерации (например, метод одиночной связи, метод полной связи, метод средней связи). C. Определение числа кластеров: Выбор оптимального числа кластеров на основе дендрограммы и/или других критериев (например, коэффициент силуэта, метод локтя). D. Сбор и подготовка данных: Формирование матрицы "сайты x виды" (или "образцы x таксоны"). E. Расчет матрицы дистанций: Вычисление матрицы дистанций Брея-Кертиса между всеми парами сайтов (или образцов).

		<p>Правильный ответ: D -&gt; E -&gt; B -&gt; A -&gt; C</p> <p><b>Вопрос 17.</b>  Расположите перечисленные ниже этапы расчета индекса разнообразия Шеннона в правильной последовательности.  Этапы:  А. Расчет доли каждого вида (<math>p_i</math>): Вычисление доли каждого вида в общей численности/биомассе всех видов в выборке. В. Суммирование: Суммирование значений (<math>- p_i * \log_2(p_i)</math>) для всех видов в выборке. С. Определение общей численности/биомассы (N): Определение общего числа особей/значения биомассы всех видов в выборке. D. Определение индекса Шеннона (H): Полученная сумма является индексом Шеннона (H). E. Определение численности/биомассы каждого вида (<math>n_i</math>): Определение числа особей/значения биомассы каждого вида в выборке.  Правильный ответ: E -&gt; C -&gt; A -&gt; B -&gt; D</p> <p><b>Задание открытого типа с развернутым ответом</b></p> <p><b>Вопрос 18.</b>  Индексы для оценки таксономического разнообразия состава сообществ их характеристики?  Ответ:  Индексы для оценки таксономического разнообразия состава сообществ и их характеристики играют ключевую роль в понимании структуры и функционирования экосистем. Эти индексы позволяют количественно оценить богатство видов, их относительную численность и выровненность распределения, предоставляя важные сведения для мониторинга изменений в биоразнообразии, выявления угроз и разработки стратегий сохранения. Различные индексы обладают своими преимуществами и ограничениями, и выбор конкретного индекса зависит от цели исследования и характеристик изучаемого сообщества.  Одним из наиболее распространенных индексов является индекс Шеннона (Shannon diversity index), который учитывает как число видов, так и их относительную численность. Этот индекс чувствителен к изменениям в численности редких видов и полезен для сравнения разнообразия в различных сообществах или в одном сообществе в разные периоды времени. Индекс Симпсона (Simpson's diversity index) фокусируется на доминирующих видах и показывает вероятность того, что две случайно выбранные особи принадлежат к разным видам. Он менее чувствителен к редким видам и больше отражает структуру сообщества, определяемую наиболее обильными видами.  Помимо индексов Шеннона и Симпсона, существуют и другие показатели, такие как индекс Маргалефа (Margalef's index), который оценивает разнообразие на основе общего числа видов и общего числа особей, и индекс Бергера-Паркера (Berger-Parker index), который отражает долю наиболее обильного вида в сообществе. Каждый из этих индексов предоставляет уникальную перспективу на структуру сообщества и позволяет оценить различные аспекты биоразнообразия.  Важно отметить, что использование индексов разнообразия требует осторожности и понимания их ограничений. Например, индексы могут быть чувствительны к размеру выборки и могут не учитывать функциональные различия</p>
--	--	---

		<p>между видами. Поэтому, при интерпретации результатов необходимо учитывать контекст исследования и использовать несколько индексов для получения более полной картины. Кроме того, рекомендуется комбинировать индексы разнообразия с другими методами анализа, такими как построение кривых накопления видов и анализ функционального разнообразия.</p> <p><b>Вопрос 19.</b> Индексы наблюдаемого и ожидаемого видового разнообразия и их использование в метабаркодинге? Ответ: Индексы наблюдаемого и ожидаемого видового разнообразия играют ключевую роль в анализе данных метабаркодинга, предоставляя ценную информацию о структуре и составе биологических сообществ. Наблюдаемое видовое разнообразие, как правило, оценивается с помощью различных индексов, таких как индекс Шеннона, индекс Симпсона или индекс Чоа1, которые учитывают как количество обнаруженных таксонов (видов или операционных таксономических единиц, OTU), так и их относительную численность. Эти индексы позволяют количественно оценить разнообразие, представленное в образце, и сравнить его между различными образцами или условиями среды.</p> <p>Однако, наблюдаемое видовое разнообразие часто недооценивает истинное разнообразие, существующее в изучаемой среде. Это связано с ограничениями методов секвенирования, такими как неполный охват библиотеки, ошибки секвенирования, а также возможность обнаружения только наиболее распространенных таксонов. Для учета этих факторов используют индексы ожидаемого видового разнообразия, которые стремятся оценить общее видовое богатство сообщества, включая те таксоны, которые не были обнаружены в процессе секвенирования.</p> <p>Существуют различные подходы к оценке ожидаемого видового разнообразия, включая экстраполяционные методы, основанные на построении кривых разрежения и экстраполяции на основе модели распределения видов. Эти методы позволяют предсказать количество таксонов, которые могли бы быть обнаружены при увеличении глубины секвенирования. Другие методы, такие как моделирование на основе непараметрических оценок (например, Chao2 или ACE), используют информацию о распределении редких таксонов для оценки общего видового богатства.</p> <p>Использование как наблюдаемого, так и ожидаемого видового разнообразия в анализе метабаркодинга позволяет получить более полную картину структуры сообщества. Сравнение наблюдаемого и ожидаемого разнообразия может выявить, например, степень недооценки разнообразия в конкретном образце, что, в свою очередь, влияет на интерпретацию результатов и на выбор стратегий для дальнейших исследований. Кроме того, изменение разницы между наблюдаемым и ожидаемым разнообразием может указывать на воздействие определенных факторов среды или антропогенного влияния на структуру сообщества.</p> <p><b>Вопрос 20.</b> Охарактеризуйте маркеры, которые применяются для в метабаркодинге для исследования таксономического состава сообществ растений? Ответ: В метабаркодинге, мощном инструменте для исследования таксономического состава сообществ растений,</p>
--	--	--

		<p>применение специфичных и надежных маркеров играет решающую роль в обеспечении точности и полноты получаемых данных. Выбор оптимальных маркеров определяется рядом факторов, включая цель исследования, таксономический уровень анализа и возможности секвенирования. Среди наиболее распространенных и изученных маркеров, используемых в метабаркодинге растений, выделяются регионы генов рибосомальной РНК (рРНК), такие как ITS2 и trnL (UAA) интрон хлоропластов.</p> <p>ITS2, или интернализированный транскрибируемый спейсер 2, является наиболее часто используемым универсальным маркером для идентификации грибов и растений. Этот регион обладает высокой вариабельностью между видами, что позволяет проводить точную идентификацию на видовом уровне. Однако, в некоторых случаях, ITS2 может проявлять внутривидовую изменчивость и затруднять разделение близкородственных видов. В то же время, trnL (UAA) интрон хлоропластов является альтернативным маркером, который часто используется в сочетании с ITS2 для повышения точности идентификации растений. Этот регион обладает меньшей вариабельностью по сравнению с ITS2, но он позволяет проводить идентификацию на более высоких таксономических уровнях, таких как род или семейство.</p> <p>Помимо ITS2 и trnL (UAA), в метабаркодинге растений также используются другие маркеры, такие как rbcL (рибулозобисфосфаткарбоксилаза большая субъединица) и matK (созревание тРНК лизина). Эти маркеры обладают меньшей вариабельностью по сравнению с ITS2, но они могут быть полезны для анализа филогенетических взаимоотношений между растениями и для идентификации растений на самых высоких таксономических уровнях.</p> <p>В последнее время все большее внимание уделяется разработке и применению видоспецифических маркеров для решения конкретных задач в метабаркодинге растений. Такие маркеры позволяют проводить более точную идентификацию растений в сложных сообществах и изучать их экологические взаимодействия.</p> <p>Выбор оптимального маркера или комбинации маркеров для метабаркодинга растений зависит от целей исследования и особенностей изучаемого сообщества. Для исследования таксономического состава сообществ растений на видовом уровне, ITS2 является предпочтительным маркером. Однако, для повышения точности идентификации и для анализа филогенетических взаимоотношений, рекомендуется использовать комбинацию ITS2 и trnL (UAA). Для анализа сообществ растений на более высоких таксономических уровнях, rbcL и matK могут быть полезны.</p>
--	--	---

### Тестирование (Вариант 2).

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тестовые задания для промежуточной аттестации
ПК-1 Способен	ИДК ПК-1.1 Знает перспективы	<b>Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из четырех предложенных и аргументацией выбора</b>

<p>осуществлять научно-исследовательскую деятельность по решению фундаментальных и прикладных задач в области физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин</p>	<p>междисциплинарных исследований, основные понятия, идеи, достижения и современные направления развития физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин, основные методологические подходы и методы решения задач по тематике научных исследований</p>	<p><b>Вопрос 1.</b></p> <p>Какой маркер используют для баркодинга растений?</p> <p>A) 16S rRNA B) COI C) ITS D) rbcL</p> <p>Ответ _____</p> <p>Правильный ответ: D</p> <p>Аргументация: Ген rbcL кодирует большую субъединицу рубиско — фермента фотосинтеза, широко используется как стандартный маркер для ДНК-баркодинга растений. Остальные маркеры (16S — бактерии, COI — животные, ITS — грибы и растения, но менее стабилен) применяются в других таксонах.</p>
	<p><i>ИДК ПК-1.2</i></p> <p>Умеет использовать в профессиональной деятельности современные представления о процессах жизнедеятельности на всех уровнях организации биологических систем, правильно ставить задачи</p>	<p><b>Вопрос 2.</b></p> <p>Какой метод позволяет оценить степень эволюционного различия между последовательностями?</p> <p>A) Фильтрация B) Расчет генетических дистанций C) Редактирование чтений D) Сборка генома</p> <p>Ответ _____</p> <p>Правильный ответ: B</p> <p>Аргументация: Генетические дистанции количественно отражают различия между нуклеотидными или аминокислотными последовательностями, что позволяет оценивать эволюционную удаленность организмов. Остальные методы не связаны с эволюционной оценкой.</p> <p><b>Вопрос 3.</b></p> <p>Что делает программа Clustal Omega?</p> <p>A) Строит гистограмму частот B) Строит множественное выравнивание последовательностей C) Идентифицирует белки D) Сравнивает уровни экспрессии</p> <p>Ответ _____</p> <p>Правильный ответ: B</p>

<p>исследования, обосновывать актуальность, новизну, теоретическую и практическую значимость исследования, выбирать и применять классические и современные методы, прогнозировать перспективы дальнейших исследований</p>	<p>исследования, обосновывать актуальность, новизну, теоретическую и практическую значимость исследования, выбирать и применять классические и современные методы, прогнозировать перспективы дальнейших исследований</p>	<p>Аргументация: Clustal Omega — популярный инструмент для множественного выравнивания последовательностей, который позволяет выявить консервативные участки и подготовить данные для построения филогенетических деревьев.</p> <p><b>Вопрос 4.</b> Какая из баз данных содержит данные по грибам и микроэкариотам? A) UNITE B) SILVA C) KEGG D) PDB Ответ _____ Правильный ответ: А Аргументация: UNITE — специализированная база данных для грибов и микроэкариот, содержит ITS-последовательности, используемые в ДНК-баркодинге грибов. SILVA — бактерии и археи, KEGG — метаболические пути, PDB — структуры белков.</p> <p><b>Вопрос 5.</b> Какой алгоритм используется в BLAST для выравнивания последовательностей? A) Needleman-Wunsch B) Smith-Waterman C) Heuristic search D) Maximum likelihood Ответ _____ Правильный ответ: С Аргументация: BLAST использует эвристический (heuristic) подход, что делает поиск выравниваний намного быстрее, чем точные алгоритмы вроде Smith-Waterman. Это основной метод в базах данных при поиске похожих последовательностей.</p>
<p><i>ИДК ПК-1.3</i> Владеет логикой и терминологическим аппаратом научного исследования, приемами организации работы по сбору, анализу, проведению научных исследований биосистем с использованием соответствующих</p>	<p><i>ИДК ПК-1.3</i> Владеет логикой и терминологическим аппаратом научного исследования, приемами организации работы по сбору, анализу, проведению научных исследований биосистем с использованием соответствующих</p>	<p><b>Вопрос 6.</b> Что означает термин "sequencing depth"? A) Количество видов в сообществе B) Количество последовательностей, полученных для каждого образца C) Длина ампликона D) Скорость анализа Ответ _____ Правильный ответ: В Аргументация:</p>

	<p>методов, прикладного ПО и баз данных</p>	<p>Глубина секвенирования (sequencing depth) — это число прочтений одной и той же области ДНК, характеризует полноту охвата генома и влияет на достоверность результатов анализа.</p> <p><b>Вопрос 7.</b> Для чего используется программа FastQC? А) Сбор метаданных В) Построение деревьев С) Анализ качества чтений D) Анализ OTU Ответ _____ Правильный ответ: С Аргументация: FastQC — инструмент для оценки качества чтений после секвенирования. Он показывает длину чтений, распределение качества по базам, количество дубликатов и GC-состав.</p> <p><b>Вопрос 8.</b> Что такое «отсев по длине ампликона» в анализе HTS-данных? А) Удаление длинных последовательностей В) Исключение последовательностей вне заданного диапазона С) Фильтрация по виду D) Редактирование ошибок Ответ _____ Правильный ответ: В Аргументация: Фильтрация по длине ампликона — важный шаг в препроцессинге, который исключает слишком короткие или слишком длинные последовательности, не соответствующие ожидаемому размеру гена-маркера.</p> <p><b>Вопрос 9.</b> Что такое кластер OTU (Operational Taxonomic Unit)? А) Вид В) Группа схожих последовательностей С) Род D) Индекс Ответ _____ Правильный ответ: В Аргументация: OTU — это группировка близких последовательностей (обычно с 97% сходства), используемая как прокси для таксонов в анализе биоразнообразия. Это единица учета в микробиологических исследованиях.</p>
--	---	--

		<p><b>Вопрос 10.</b> Какой индекс учитывает только разнообразие видов, но не равномерность? A) Индекс Шеннона B) Индекс Симпсона C) Число OTU D) Индекс Чао1 Ответ _____ Правильный ответ: C Аргументация: Число OTU отражает видовое богатство (количество таксонов), но не говорит о распределении или равномерности, в отличие от индексов Шеннона или Симпсона.</p> <p><b>Вопрос 11.</b> Что показывает rank-abundance кривая? A) Глубину секвенирования B) Равномерность распределения видов C) Скорость чтения D) Количество образцов Ответ _____ Правильный ответ: B Аргументация: Rank-abundance кривая показывает распределение относительного обилия видов, и позволяет визуально оценить доминирование и равномерность биоразнообразия в сообществе.</p> <p><b>Вопрос 12.</b> Какая функция в R может использоваться для построения тепловой карты? A) heatmap() B) line() C) dotchart() D) matrix() Ответ _____ Правильный ответ: A Аргументация: heatmap() — стандартная функция в R для визуализации матриц данных в виде цветной карты, часто используется в микробиомике для отображения обилия таксонов по образцам.</p>
--	--	---

		<p><b>Вопрос 13.</b></p> <p>Какая метрика расстояния подходит для бинарных данных при кластеризации?</p> <p>A) Jaccard  B) Euclidean  C) Mahalanobis  D) Manhattan</p> <p>Ответ _____</p> <p>Правильный ответ: A</p> <p>Аргументация:  Коэффициент Жаккара (Jaccard) широко применяется для сравнения бинарных данных, таких как наличие/отсутствие OTU или ASV в микробиологических исследованиях.</p> <p><b>Задание закрытого типа на установление соответствия</b></p> <p><b>Вопрос 14.</b></p> <p>Установите соответствие между функциями языка R и их назначением:</p> <table data-bbox="763 874 1473 1066"> <thead> <tr> <th>Функция</th> <th>Назначение</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1. heatmap</td> <td>A. Построение тепловой карты на основе матрицы</td> </tr> <tr> <td>2. dist</td> <td>B. Расчет матрицы расстояний между объектами</td> </tr> <tr> <td>3. prcomp</td> <td>C. Проведение анализа главных компонент</td> </tr> <tr> <td>4. hclust</td> <td>D. Иерархическая кластеризация объектов</td> </tr> </tbody> </table> <p>Ответ _____</p> <p>Правильный ответ:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>heatmap — A</li> <li>dist — B</li> <li>prcomp — C</li> <li>hclust — D</li> </ol> <p><b>Вопрос 15.</b></p> <p>Установите соответствие между функциями и их назначением в анализе данных в R:</p> <table data-bbox="763 1353 1507 1385"> <thead> <tr> <th>Функция</th> <th>Назначение</th> </tr> </thead> </table>	Функция	Назначение	1. heatmap	A. Построение тепловой карты на основе матрицы	2. dist	B. Расчет матрицы расстояний между объектами	3. prcomp	C. Проведение анализа главных компонент	4. hclust	D. Иерархическая кластеризация объектов	Функция	Назначение
Функция	Назначение													
1. heatmap	A. Построение тепловой карты на основе матрицы													
2. dist	B. Расчет матрицы расстояний между объектами													
3. prcomp	C. Проведение анализа главных компонент													
4. hclust	D. Иерархическая кластеризация объектов													
Функция	Назначение													

		<p>1. phyloseq                    А. Объединение данных микробиомных исследований  2. tax_glom                    В. Агрегация таксонов до заданного таксономического уровня  3. plot_bar                    С. Визуализация относительной абундансности таксонов  4. transform_sample_counts D. Нормализация данных по образцам</p> <p>Ответ _____  Правильный ответ:  1. phyloseq — А  2. tax_glom — В  3. plot_bar — С  4. transform_sample_counts — D</p> <p><b>Задание закрытого типа на установление последовательности</b></p> <p><b>Вопрос 16.</b>  Расположите перечисленные ниже этапы кластерного анализа состава сообщества в правильной последовательности. Предполагается использование иерархической кластеризации на основе дистанций Жаккара.  Этапы:  А. Визуализация результатов: Построение дендрограммы и ее интерпретация. В. Выбор алгоритма кластеризации: Определение метода аггломерации (например, метод одиночной связи, метод полной связи, метод средней связи).  С. Определение числа кластеров: Выбор оптимального числа кластеров на основе дендрограммы и/или других критериев (например, коэффициент силуэта, метод локтя). D. Преобразование данных в бинарный формат (присутствие/отсутствие): Если данные представлены обилием, необходимо преобразовать их в формат 0/1 (отсутствует/присутствует). Е. Сбор данных: Формирование матрицы "сайты x виды" (или "образцы x таксоны"). F. Расчет матрицы дистанций: Вычисление матрицы дистанций Жаккара между всеми парами сайтов (или образцов).  Правильный ответ: Е -&gt; D -&gt; F -&gt; В -&gt; А -&gt; С</p> <p><b>Вопрос 17.</b>  Расположите перечисленные ниже этапы расчета индекса разнообразия Симпсона в правильной последовательности.  Этапы:  А. Возведение в квадрат: Возведение в квадрат доли каждого вида (<math>p_i^2</math>). В. Вычитание из единицы: Вычитание суммы квадратов долей видов из единицы (<math>1 - D</math>). Результат - индекс разнообразия Симпсона. С. Расчет доли каждого вида (<math>p_i</math>): Вычисление доли каждого вида в общей численности/биомассе всех видов в выборке. D. Суммирование квадратов долей: Суммирование квадратов долей всех видов. Это значение обозначается как D (доминирование). Е. Определение общей численности/биомассы (N): Определение общего числа особей/значения биомассы всех видов в выборке. F. Определение численности/биомассы каждого вида (<math>n_i</math>): Определение числа</p>
--	--	--

		<p>особей/значения биомассы каждого вида в выборке.  Правильный ответ: F -&gt; E -&gt; C -&gt; A -&gt; D -&gt; B</p> <p><b>Задание открытого типа с развернутым ответом</b></p> <p><b>Вопрос 18.</b>  Различные виды дистанций и их характеристики при сравнении таксономического состава нескольких сообществ?  Ответ:  Для сравнения таксономического состава сообществ в экологических исследованиях широко используются различные меры дистанции (или меры сходства/несходства). Выбор конкретной меры зависит от типа данных (качественные или количественные), целей исследования и свойств самих сообществ. Важно понимать, что каждая мера дистанции акцентирует разные аспекты различий между сообществами, и неправильный выбор может привести к искаженным результатам и неверным выводам.  Одним из наиболее распространенных типов мер дистанции являются дистанции на основе присутствия-отсутствия видов (бинарные данные). Классическим примером является дистанция Жаккара (Jaccard distance), которая учитывает только виды, встречающиеся в обоих сообществах, и игнорирует ситуации, когда вид отсутствует в обоих. Другой распространенной мерой является дистанция Серенсена (Sørensen distance), которая придает большее значение общим видам, что делает её более устойчивой к различиям в размерах выборки. Эти дистанции особенно полезны при анализе видов, которые трудно количественно оценить, например, редких видов или видов, обнаружение которых зависит от интенсивности поиска.  Для анализа количественных данных, таких как численность или биомасса видов, часто используются метрические дистанции, основанные на разностях в обилиях. Дистанция Евклида (Euclidean distance) является одной из простейших и наиболее интуитивно понятных мер, но она чувствительна к различиям в общих масштабах обилия и может быть искажена доминирующими видами. Дистанция Брея-Кертиса (Bray-Curtis distance) является более робастной мерой, поскольку она нормирует различия в обилиях на общую сумму обилий, что делает её менее чувствительной к различиям в размерах выборки и более устойчивой к влиянию доминирующих видов.  Кроме того, существуют дистанции, учитывающие филогенетические отношения между видами. Например, дистанция Юнифрак (UniFrac distance) оценивает разницу в филогенетическом разнообразии между сообществами, принимая во внимание структуру филогенетического дерева. Эта мера полезна для выявления различий в функциональной роли сообществ, даже если их таксономический состав схож. Выбор между весовой и невесовой версиями Юнифрак позволяет акцентировать либо присутствие-отсутствие видов, либо их относительное обилие в филогенетическом контексте.</p> <p><b>Вопрос 19.</b>  Многомерное шкалирование для сравнения нескольких сообществ по результатам метабаркодинга?  Ответ:  Многомерное шкалирование (MDS) представляет собой мощный инструмент для визуализации и анализа сложных данных, основанных на матрицах расстояний или сходства объектов. В контексте метабаркодинга, где</p>
--	--	---

	<p>исследователи стремятся понять различия в микробных сообществах между различными образцами или группами, MDS предоставляет возможность для представления этих различий в виде наглядной карты. Эта карта отображает взаимосвязи между сообществами, позволяя исследователям выявлять кластеры, тренды и другие важные структурные особенности данных.</p> <p>В задачах сравнения нескольких сообществ по результатам метабаркодинга, MDS используется для представления каждого сообщества в виде точки в многомерном пространстве. Расстояния между точками отражают степень различия между соответствующими сообществами. Различия могут быть основаны на самых разных метриках, таких как Bray-Curtis, Jaccard, Unifrac, и т.д., каждая из которых акцентирует разные аспекты различий между сообществами. Выбор оптимальной метрики зависит от конкретной задачи и целей исследования.</p> <p>Применение MDS в метабаркодинге позволяет исследователям выявить факторы, влияющие на структуру микробных сообществ. Например, можно сравнить микробные сообщества в разных типах почв, или в различных участках тела человека. Визуализация результатов с помощью MDS позволяет увидеть, насколько сильно различаются эти сообщества, и какие факторы могут быть ответственны за эти различия. Это может быть pH почвы, влажность, температура, диета, использование антибиотиков и т.д.</p> <p>Более того, MDS может использоваться для выявления временных изменений в микробных сообществах. Сравнивая сообщества, взятые в разные моменты времени, можно проследить динамику их изменения и выявить факторы, влияющие на эти изменения. Например, можно изучать изменения в микробиоме кишечника после изменения диеты, или после приема антибиотиков.</p> <p><b>Вопрос 20.</b> Охарактеризуйте маркеры, которые применяются для в метабаркодинге для исследования таксономического состава сообществ животных?</p> <p>Ответ: В метабаркодинге, как мощном инструменте для исследования таксономического состава сообществ животных, выбор маркеров имеет решающее значение для получения точных и полных результатов. Идеальный маркер должен обладать рядом характеристик, включая консервативные фланкирующие регионы для универсального амплифицирования и гипервариабельные участки для разрешения таксономических групп. Среди наиболее часто используемых и проверенных маркеров можно выделить ген цитохром с оксидазы I (COI) для идентификации животных, рибосомальные гены 16S и 12S рРНК для бактерий и архей, а также ITS регион для грибов. Однако, для анализа сообществ животных COI является золотым стандартом благодаря его универсальности и развитой базе данных.</p> <p>Эффективность маркера в определении таксономического разнообразия зависит от его способности различать близкородственные виды. COI, например, обладает высокой скоростью мутирования, что позволяет дифференцировать даже виды с небольшими генетическими различиями. В то же время, важно учитывать возможность амплификации нецелевых последовательностей, таких как псевдогены или последовательности других организмов, и принимать меры для их исключения из анализа. Разработка блокирующих праймеров и тщательная проверка результатов выравнивания позволяют минимизировать ошибки и получить более точные данные о составе сообщества.</p>
--	---

		<p>При выборе маркера необходимо учитывать целевые группы организмов. Универсальные маркеры, такие как COI, могут обеспечивать широкое охватывающее множество видов, но их эффективность может варьироваться для разных таксономических групп. В некоторых случаях, использование видоспецифических или группоспецифических маркеров может быть более предпочтительным для детального анализа определенных групп животных. Например, для изучения сообществ насекомых могут использоваться маркеры, оптимизированные для этой группы, которые обеспечивают более высокое разрешение на видовом уровне.</p> <p>Качество и полнота баз данных являются критически важными для точной таксономической идентификации последовательностей, полученных в результате метабаркодинга. Базы данных, такие как GenBank и BOLD содержат огромное количество последовательностей и таксономической информации по маркеру COI, но их качество и полнота могут варьироваться. Регулярное обновление и проверка баз данных, а также использование нескольких баз данных для перекрестной проверки результатов, позволяют повысить точность идентификации и минимизировать ошибки.</p>
--	--	--

**Разработчик:**

Букин доцент Букин Ю.С.  
(подпись)

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

Программа рассмотрена на заседании кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики 17.04.2024 г. протокол № 15.

Зав. кафедрой, д.б.н., профессор В.П. Саловарова Саловарова

*Настоящая программа, не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы.*