федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования документ подписан биот ехнологический университет (РОСБИОТЕХ)»

ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН — ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ

Сертификат:

00D05D015A41D43C257354CF2FDDD93F88

Владелец: РОСБИОТЕХ

Действителен: с 11.11.2024 по 04.02.2026

# ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЕ «БИОИНФОРМАТИКА В ФАРМАЦИИ»

Уровень образования:	Специалитет
Специальность	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
Специализация	Молекулярная и клеточная инженерия
Форма обучения	Очная
Срок освоения образовательной программы в соответствии с ФГОС (очная форма)	5 лет
Год начала подготовки	2024 г.
шифр и наименование дисциплины	Б1.В.03 Биоинформатика в фармации
семестры реализации дисциплины	5, 6 семестры
форма контроля	Зачет, экзамен

#### 1. Область применения.

Фонд оценочных средств (ФОС) является неотъемлемой частью программы дисциплины при реализации основной профессиональной образовательной программы (ОПОП) высшего образования (ВО) по специальности:

#### 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

#### Специализация: Молекулярная и клеточная инженерия

Оценочные фонды разрабатываются для проведения оценки степени соответствия фактических результатов обучения при изучении дисциплины запланированным результатам обучения, соотнесенных с установленными в программе индикаторами достижения компетенций, а также сформированности компетенций, установленных программой специалитета.

Таблица 1 Паспорт фонда оценочных средств

Компетенции	Индикаторы достижения компетенций	Знать	Уметь	Владеть (иметь практически е опыт)
ПК-1 Способность	ПК-1.3 Использует	Основные термины и	Подбирать	Основными
самостоятельно проводить	полученные знания и	понятия	необходимые и	методами,
теоретическую и	профессиональные навыки	биоинформатики,	оптимальные	способами и
экспериментальную	грамотного анализа большого	современные	условия	средствами
исследовательскую работу в	массива информации по	концепции	проведения	получения,
области биоинженерии,	биологическим объектам	биоинформатики	научного анализа в	хранения,
биоинформатики и	ПК-1.5 Использует		зависимости от	анализа и
смежных дисциплин, также	биоинформатику и		специфики	систематизации
оформлять ее в письменной	биоинженерию в		поставленной	информации
форме, излагать в устной	молекулярной диагностике,		задачи с	применительно к
форме и участвовать в	выборе новых мишеней для		применением	биологическим
различных формах	лекарственных препаратов,		методов	объектам
дискуссий	медико-диагностических		биоинформатики	
	исследованиях			

#### 2. Цели и задачи фонда оценочных средств.

Целью  $\Phi$ OC является установление соответствия уровня подготовки обучающихся требованиям федерального государственного образовательного стандарта  $\Phi$ ГОС ВО по ОПОП.

ФОС предназначен для решения задач контроля достижения целей реализации ОПОП ВО и обеспечения соответствия результатов обучения области, сфере, объектам профессиональной деятельности, области знаний и типам задач профессиональной деятельности.

- 3. Перечень оценочных средств, используемых для оценивания сформированности компетенций, критерии и шкалы оценивания в рамках изучения дисциплины.
- 3.1. Оценочные материалы для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации (с ключом ответов).

5 семестр изучения в соответствии с УП				
форма промежуточной аттестации – зачет				
ПК-1 Способность самостоятельно проводить теоретическу экспериментальную исследовательскую работу в обла биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, та оформлять ее в письменной форме, излагать в устной формучаствовать в различных формах дискуссий				

## Задания для текущего контроля успеваемости с ключами ответов Тестовые задания

Номер задания	Содержание вопроса	Правильный ответ
1.	Задание закрытого типа на установление	соответствия
1.	Установите соответствие между	1- Б
	направлением фармации и конкретным	2- B
	применением биоинформатики в этой	3- Γ
	области:	4- A
	Направления:	
	1. Фармакогеномика.	
	2. Фармацевтическая биотехнология.	
	3. Дизайн химических лекарств.	
	4. Медицинская химия.	
	Применения:	
	А) Оптимизация "лидерного соединения"	
	для повышения сродства к мишени.	
	Б) Анализ однонуклеотидных	
	полиморфизмов (SNP) для	
	прогнозирования эффективности и	
	побочных эффектов лекарства у пациента.	
	В) Рекомбинантная экспрессия и	
	оптимизация кодирующей	
	последовательности белка-терапевтика.	
	Г) Поиск активных фрагментов	
	(фармакофоров) в базах данных 3D-	
	структур молекул.	
	Задание закрытого типа на установление	
2.	Установите правильную	2, 4, 1, 5, 3
	последовательность этапов	
	рационального дизайна лекарства.	
	1. Молекулярный докинг и оценка	
	энергии связывания.	
	2. Идентификация и валидация мишени	
	(белок, ДНК, РНК).	

- 3. Синтез и биологическое тестирование наиболее перспективных соединений.
- 4. Поиск или дизайн низкомолекулярных лигандов (химических соединений).
- 5. Оптимизация лидерной структуры для улучшения эффективности и снижения токсичности.

#### 3. Задание открытого типа с развернутым ответом/ задача

- 3. Исследовательская группа фармацевтической компании изучает новый белок человека— киназу RIPK2, которая играет ключевую роль в активации сигнального пути NF-кB, связанного с воспалительными заболеваниями (например, болезнью Крона). Известно, что бактериальный белок OspF инактивирует RIPK2. Используя базу данных UniProt (https://www.uniprot.org/), найдите белок RIPK2 человека (идентификатор: О43353). С помощью встроенного инструмента BLAST найдите участок белка, который может быть мишенью для OspF, и предложите стратегию для дизайна низкомолекулярного ингибитора, имитирующего действие OspF.
- 1. Поиск в UniProt: · Входим в UniProt и вводим идентификатор O43353 (RIPK2 HUMAN). · B "Sequence" разделе копируем аминокислотную 2. последовательность белка. Анализ с помощью BLAST: · На странице белка находим нажимаем кнопку "BLAST" (или переходим на сайт NCBI BLAST). • Вставляем последовательность RIPK2 в качестве запроса и запускаем поиск (программа blastp). · Среди результатов ищем гомологичные последовательности, особенно из бактерий. Мы можем найти, что белок OspF из Shigella spp. имеет участок, гомологичный каталитическому домену киназ. . Более целенаправленно: научной литературе известно, что OspF фосфорилирует остаток определенный активационной петле киназ. Анализируя выравнивание последовательностей RIPK2 и OspF, МЫ находим консервативный остаток серина в позиции 176 (S176) у RIPK2, который является мишенью для OspF. 3. Стратегия дизайна ингибитора: Цель: Создать низкомолекулярное соединение, которое будет связываться активным сайтом RIPK2 блокировать доступ к остатку S176, имитируя стерическое препятствие, создаваемое OspF. · Действия: Получить 3Dструктуру RIPK2 (из PDB.

		например, 3R8T). · Используя
		методы молекулярного докинга
		(например, AutoDock Vina),
		просканировать библиотеки
		химических соединений на
		предмет их способности
		связываться в карман около S176.
		• Отобрать "хиты" (соединения с
		наилучшей энергией связывания)
		для дальнейшей оптимизации и
		экспериментальной проверки. Вывод: С помощью
		биоинформатического анализа был идентифицирован ключевой
		± ±
		остаток Ser176 в белке RIPK2,
		который является мишенью для
		бактериального эффектора. Это
		позволяет предложить стратегию
		создания ингибитора,
		нацеленного на этот сайт, для
		подавления воспалительного
4	22.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.4.	сигнала.
	Задания открытого типа с кратким ответо	ом/ вставить термин,
4.	етание, дополнить предложенное	OMICS
4.	Процесс идентификации новой молекулы-	OMICS
	мишени для разработки лекарственного	
	средства начинается с	
	биоинформатического анализа	
	данных.	
5.	Компьютерный метод, который	докинг
	предсказывает, как малая молекула	
	(лиганд) будет связываться с белковой	
	мишенью, называется молекулярный	
	<u> </u>	,
	Задания комбинированного типа с выборо	
	ного ответа из предложенных с последуюц	
6.	Что является основной целью применения	В
	биоинформатики в фармацевтической отрасли?	
	1	
	а) Автоматизация процесса продажи	
	лекарств	
	б) Снижение стоимости клинических испытаний за счет использования	
	меньшего числа пациентов	
	в) Ускорение и оптимизация процесса	
	открытия и разработки новых	
	лекарственных средств	
	г) Разработка новых медицинских	
	приборов	

	T-2 11 11	
7.	Какой биоинформатический метод	Б
	используется для предсказания	
	трехмерной структуры белка на основе	
	его аминокислотной последовательности?	
	а) Молекулярный докинг	
	б) Гомологическое моделирование	
	в) Поиск по мотивам в базах данных	
	г) Анализ экспрессии генов	
8.	Для чего в первую очередь используется	Б
	молекулярный докинг в дизайне	
	лекарств?	
	а) Для определения последовательности	
	ВДНК гена-мишени	
	б)Б Для предсказания того, как малая	
	молекула (лиганд) связывается с белковой	
	мишенью	
	в) Для анализа побочных эффектов	
	лекарства	
	г) Для изучения фармакокинетики in vivo	
9.	База данных PubChem в основном	В
	содержит информацию о:	
	а) Трехмерных структурах белков	
	б) Последовательностях ДНК и РНК	
	в) Малых молекулах, их структурах и	
	биологической активности	
	г) Патентах на лекарственные средства	
10.	Что такое "мишень" для лекарственного	Б
	препарата?	
	а) Побочный эффект, которого нужно	
	избежать	
	б) Молекула в организме (часто белок), на	
	которую направлено действие лекарства	
	в) Фирма-конкурент на	
	фармацевтическом рынке	
	г) Клеточная мембрана	

# Задания для промежуточной аттестации с ключами ответов Тестовые задания

Номер задания	Содержание вопроса	Правильный ответ
1.	Задание закрытого типа на установление с	соответствия
11.	Установите соответствие между	1- A
	биоинформатической задачей и классом	2- Б
	программного обеспечения/алгоритма,	3- Γ
	который для её решения применяется:	4- B
	Задачи:	

1. Выравнивание и сравнение последовательностей ДНК для поиска мутаций. 2. Построение трехмерной модели белка по его аминокислотной послеловательности. 3. Поиск в базе химических соединений аналогов с похожей биологической активностью. 4. Анализ данных масс-спектрометрии для идентификации белков. Программы/Алгоритмы: A) BLAST, Clustal Omega. Б) AlphaFold, Rosetta. B) Mascot, MaxQuant. Г) Хемоинформатические дескрипторы и метод "виртуального скрининга по сходству". 2. Задание закрытого типа на установление последовательности 12. 3, 5, 1, 4, 2 Установите последовательность этапов использования GWAS для поиска новых мишеней для лекарств. 1. Статистический анализ для выявления однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), ассоциированных с заболеванием. 2. Функциональная валидация выявленных генов-кандидатов в лабораторных условиях. 3. Отбор тысяч пациентов и здоровых добровольцев (контрольная группа). 4. Поиск биологических путей, в которые вовлечены гены, расположенные near ассоциированными SNP. 5. Генотипирование всех участников исследования с помощью ДНК-чипов. 3. Задание открытого типа с развернутым ответом/ задача 13. Для белка-мишени CDK2(циклин-Подготовка структур: Загружаем 3D-структуру белка зависимая киназа 2), участвующего в регуляции клеточного цикла (PDB ID: 1H1S из PDB. Очищаем её: 1H1S), известен ингибитор родовитин. Его удаляем воду, гетероатомы структура есть в базе данных PubChem исходного (кроме лиганда), добавляем атомы водорода. (CID: 124275646). Исходное соединение имеет константу ингибирования (Кі) 0.1 Загружаем структуру родовитина

мкМ. Путем химического синтеза были

А:Замена метильной группы на этильную.

Аналог Б:Введение гидроксильной

получены 3 его аналога: \* Аналог

и его аналогов из PubChem или

создаем их в молекулярном

2.

(Avogadro,

Проведение

редакторе

ChemSketch).

группы в бензольное кольцо. \* Аналог В:Удлинение алкильной цепи на два атома углерода. С помощью молекулярного докинга предскажите, какое из соединений будет иметь наилучшую (наименьшую) константу ингирирования Кі. Объясните свой выбор.

Используем докинга: программу для молекулярного докинга (например, AutoDock Vina). · Задаем "поле докинга" (grid box), охватывающее CDK2, активный сайт гле находится исходный лиганда. • Запускаем процедуру докинга лля всех четырех молекул (родовитина и трех аналогов). 3. Анализ результатов: Основной критерий — оценочная функция (energy score), выраженная в ккал/моль. Более отрицательное значение означает более прочное связывание предположительно, лучшую Кі. · Аналог А (этил): Увеличение размера с метила на этил может привести К стерическим затруднениям в тесном активном сайте, что ухудшит связывание (менее отрицательный score). · Аналог Б (гидроксил): Введение гидроксильной группы может создать новую водородную связь с остатками белка (например, с кислотой), глутаминовой что значительно улучшит связывание (самое отрицательное значение score). · Аналог В (удлиненная цепь): Удлинение цепи может привести к конфликту с аминокислотными остатками на краю активного сайта, ухудшив связывание. 4. Прогноз: Наилучшую константу ингибирования (наименьшую Кі) будет иметь Аналог Б, так как введение гидроксильной группы, способной образованию дополнительной водородной связи, наибольшей вероятностью улучшит сродство мишени. Вывод: Метод молекулярного докинга позволяет предсказать, что модификация молекулы

Тидроксильной группы (Анало Б) является наиболе перепективной для увеличение силы связывания с мишеные СDK2.   4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное   14.			
Б) является паиболе перепективной для увеличение силы связывания с мишеныя СDK2.  4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное  14. База данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот, широко используемая для проведения докиша, пазывается  15. Наука, лежащая на стыке химии и информации, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, пазывается  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объясиением своего выбора  16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет: а) Определить аминокислотную последовательность белка б) Предеказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы даных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Ротеіп Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials, gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно г) Всех генов в геноме одновременно			родовитина путем введения
Перспективной для увеличения			1 1 1
Силы связывания с мишенье CDK2.   4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное     14. База данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот, широко используемая для проведения докинга, называется     15. Наука, лежащая на стыке химии и информатики, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, называется     5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объясиением своего выбора     16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — ото метод, который позволяет: а) Определить аминокислотную последовательность белка (б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D     17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекуя? а) GenBank (6) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank     18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Врлияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства (6) Пропесса синтеза белка в) Эволюции геномов пагогенов г) Весх генов в геноме одновременно г) Весх генов в геноме одновременно г) Всех генов в геноме одновременно го выставить терминиг"?			,
СDK2.			
4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное  14. База данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот, ппироко используемая для проведения докинга, называется  15. Наука, лежащая па стыке химии и информатики, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, пазывается  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких иравильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет: а) Определить аминокислотную последовательность белка  6) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank  6) Ртоtеіп Data Bank (PDB)  в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Пропесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Весх генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
14.   База данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот, широко используемая для проведения докинга, называется	4.	Залания открытого типа с кратким ответо	
14. База данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот, широко используемая для проведения докинга, называется  15. Наука, лежащая на стыке химии и информатики, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, называется  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/пескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет: а) Определить аминокислотную последовательность белка б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Рrotein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			20142112 10p
и нуклеиновых кислот, широко используемая для проведения докинга, называется  15. Наука, лежащая на стыке химии и информатики, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, называется  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет: а) Определить аминокислотную последовательность белка б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Ргоtein Data Bank (PDB) в) СlinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Весх генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			PDB (Protein Data Bank)
используемая для проведения докинга, называется   Наука, лежащая на стыке химии и информатики, занимающаяся хранением, информатики, занимающаяся хранением, инфескированием и поиском информации о химических структурах, называется	1		TBB (Trotem Batta Batta)
15. Наука, лежащая на стыке химии и информатики занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, называется		_	
15. Наука, лежащая на стыке химии и информатики, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, называется    5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора     16.   Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет:   а) Определить аминокислотную последовательность белка   б) Предсказать билогическую активность соединения на основе его химической структуры   в) Провести виртуальный скрининг базы данных пащиентов   г) Визуализировать клетку в 3D     17.   Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул?   а) GenBank   б) Protein Data Bank (PDB)   в) ClinicalTrials.gov   г) DrugBank     18.   Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства   б) Процесса синтеза белка   в) Эволюции геномов патогенов   г) Всех генов в геноме одновременно   процесса синтеза белка   в) Эволюции геномов патогенов   г) Всех генов в геноме одновременно   процесса синтеза белка   процесса процесса синтеза белка   процесса процесса продежение   процесса продежение   процесса продежение   процесса продежение   процесс			
информатики, занимающаяся хранением, индексированием и поиском информации о химических структурах, называется  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет:  а) Определить аминокислотную последовательность белка  б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры  в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул?  а) GenBank  б) Protein Data Bank (PDB)  в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение:  а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства  б) Процесса синтеза белка  в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"?	15		уемониформатика
Индексированием и поиском информации о химических структурах, называется	13.	• •	жемоинформатика
5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет:  а) Определить аминокислотную последовательность белка  б) Предсказать биологическую активность соединения а основе его химической структуры  в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Ргоtein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"?  Б			
правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора         16.       Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет:		о химических структурах, называется	
правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора         16.       Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет:			
16. Анализ "структура-активность" (QSAR) — это метод, который позволяет:  а) Определить аминокислотную последовательность белка б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		<u>-</u>	
это метод, который позволяет:  а) Определить аминокислотную последовательность белка б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov r) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"?		<u> </u>	
а) Определить аминокислотную последовательность белка б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б	10.		D
последовательность белка б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
б) Предсказать биологическую активность соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		· · · =	
соединения на основе его химической структуры в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"?			
в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул?  а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
в) Провести виртуальный скрининг базы данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
данных пациентов г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул? а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		1	
г) Визуализировать клетку в 3D  17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул?  а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"?  Б			
17. Что из перечисленного является ключевой базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул?  а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
базой данных для получения трехмерных структур биомакромолекул?  а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		, , ,	_
структур биомакромолекул?  а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б	17.	_	Б
а) GenBank б) Protein Data Bank (PDB) в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		·	
б) Protein Data Bank (PDB)  в) ClinicalTrials.gov  г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		_ =	
в) ClinicalTrials.gov г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		, ·	
г) DrugBank  18. Задача фармакогеномики — это изучение: А а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
18. Задача фармакогеномики — это изучение: а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		,	
а) Влияния генетических вариаций на индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		, ,	
индивидуальный ответ на лекарства б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б	18.		A
б) Процесса синтеза белка в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		а) Влияния генетических вариаций на	
в) Эволюции геномов патогенов г) Всех генов в геноме одновременно  19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б			
г) Всех генов в геноме одновременно 19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		б) Процесса синтеза белка	
19. Что такое "виртуальный скрининг"? Б		в) Эволюции геномов патогенов	
± * - ±		г) Всех генов в геноме одновременно	
а) Проведение клинических испытаний в	19.	Что такое "виртуальный скрининг"?	Б
		а) Проведение клинических испытаний в	
компьютерной модели		1 - =	
б) Использование компьютерных		1	
программ для поиска потенциальных		<u> </u>	
лекарственных веществ в базах данных			
		химических соединений	

	в) Скрининг медицинской литературы	
	г) Анализ виртуальной реальности для	
	обучения хирургов	
20.	База данных DrugBank полезна, потому	В
	что она объединяет информацию о:	
	а) Только химической структуре лекарств	
	б) Только фармакологическом действии	
	лекарств	
	в) Лекарствах, их мишенях, механизмах	
	действия и фармакокинетике	
	г) Только о безрецептурных препаратах	

6 семестр изучения в соответствии с УП			
форма промежуточной аттестации – экзамен			
Код и наименование проверяемой компетенции:	ПК-1 Способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий		

## Задания для текущего контроля успеваемости с ключами ответов Тестовые задания

Номе р задан ия	Содержание вопроса	Правильный ответ
1	<b>1. Задание закрытого типа на установ</b> ло	ение соответствия
21.	Установите соответствие между типом биологической мишени и наиболее релевантной для её анализа базой данных:	1- B 2- Γ 3- A 4- Б
	<ol> <li>Типы мишеней:</li> <li>Белок-мишень с неизвестной структурой.</li> <li>Ген-мишень для РНК-интерференции.</li> <li>Мишень в виде пути метаболизма бактерии.</li> <li>Эпитоп для вакцины.</li> </ol>	
	Базы данных: A) KEGG, Reactome. Б) IEDB (Immune Epitope Database).	

B) AlphaFold Protein Structure
Database.

Γ) miRBase (база данных микроРНК).

#### 2. Задание закрытого типа на установление последовательности

- 22. Расположите этапы в правильном порядке для применения фармакогенетики при назначении лекарства.
  - 1. Принятие клинического решения: коррекция дозы или выбор альтернативного препарата.
  - 2. Взятие биологического образца у пациента (например, кровь или буккальный эпителий).
  - 3. Анализ ДНК на наличие конкретных генетических вариантов, влияющих на фармакокинетику или фармакодинамику препарата.
  - 4. Интерпретация результата: определение фенотипа пациента (например, "быстрый метаболизатор", "медленный метаболизатор").
  - 5. Назначение врачом лекарства, имеющего известные фармакогенетические маркеры.

5, 2, 3, 4, 1

#### 3. Задание открытого типа с развернутым ответом/ задача

- 23. Химики синтезировали новое соединение"Х-115" в качестве кандидата в пероральные препараты. Его структура (SMILES): C1=CC(=CC=C1CCO)NC(=O)C2=CC= С(О)С=С2. Рассчитайте ключевые ADME-параметры(всасывание, распределение, метаболизм, выведение) с помощью веб-сервиса **SwissADME** (http://www.swissadme.ch/). Оцените, соответствует ли соединение "правилу пяти" Липинского (Rule of Five) и есть ли критические недостатки для его разработки в качестве лекарства.
- 1. Ввод данных: · Переходим на сайт SwissADME. · В поле ввода вводим SMILES-строку соединения: C1=CC(=CC=C1CCO)NC(=O)C2=CC= C(O)C=C2. Нажимаем "Run!" 2. Анализ результатов: · Rule of Five: В результатах будет указано, соединение соответствует правилу (0 нарушений). Это хороший признак для пероральной биодоступности. Фармакокинетические параметры: Всасывание (Absorption): Прогноз проницаемости для кишечника (НІА) — высокая. Прогноз проницаемости гемато-энцефалического барьера (ВВВ) — средний или низкий (что может быть плюсом, если не требуется действие на ЦНС). · Метаболизм (Metabolism): Проверяем, является ли соединение ингибитором субстратом цитохрома Р450 (СҮР). Например, если оно является

субстратом CYP3A4. ДЛЯ предсказывает активный метаболизм в печени. · Растворимость (Solubility): Шкала растворимости (Log S) покажет, достаточно ли растворимо соединение. Значение -4 около (умеренная растворимость) приемлемо. Токсичность: Проверяем, ЛИ структурных предупреждений (например, по ПАУМ-фильтру — Рап-Assay Interference Compounds). случае серьезных ланном предупреждений, вероятно, нет. 3. Оценка и вывод: Достоинства: Соединение "X-115" соответствует "правилу пяти", имеет хорошую прогнозируемую кишечную проницаемость И умеренную растворимость. Потенциальные проблемы: Возможный активный метаболизм через цитохром Р450, что привести может К низкой биодоступности и межлекарственным взаимодействиям. Это потребует экспериментальной проверки in vitro микросомах печени. Вывод: на Биоинформатический анализ помощью SwissADME показал, что "X-115" соединение является перспективным кандидатом ДЛЯ перорального введения, но требует дополнительного изучения его метаболической стабильности.

# 4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание....., дополнить предложенное

	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,			
24.	Вычислительный метод, который	QSAR	(количественный	анализ
	позволяет установить взаимосвязь	структура	а-активность)	
	между химической структурой			
	соединения и его биологической			
	активностью, называется			
25.	База данных, содержащая	DrugBank	Κ	
	информацию о известных			
	лекарственных средствах, их мишенях			
	и биологических эффектах,			
	называется			
1		_		

5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора

26	V	Г
26.	Какой этап открытия лекарств следует	Б
	после идентификации и валидации	
1	мишени?	
	а) Постмаркетинговый надзор	
1	б) Поиск "хитовых" соединений (hit	
	identification)	
	в) Регистрация лекарства	
	г) Проведение клинических	
	испытаний III фазы	
27.	Что помогает предсказать анализ	В
	ADMET in silico?	
	а) Стоимость производства лекарства	
	б) Погоду во время клинических	
	испытаний	
	в) Всасывание, распределение,	
	метаболизм, выведение и токсичность	
	вещества	
	г) Маркетинговую стратегию	
28.	лекарства	Б
۷۵.	Белок-мишень р53 часто мутирует при	D
	раке. Какой биоинформатический	
	подход может помочь найти	
	лекарство, восстанавливающее его	
	функцию?	
	а) Анализ последовательности ДНК	
	гена р53 у здоровых людей	
	б) Молекулярный докинг для поиска	
	малых молекул, связывающихся с	
	мутантным р53	
	в) Сравнение геномов разных видов	
	животных	
	г) Анализ экспрессии гена р53 в	
	клетках крови	
29.	Для поиска гомологов белка-мишени	A
	(эволюционно родственных белков)	
	используется алгоритм:	
	a) BLAST	
	б) Molecular Docking	
	B) QSAR	
	г) PCA (Principal Component Analysis)	
30.	Что такое "лиганд" в контексте	В
	молекулярного докинга?	
	а) Белковая мишень	
	б) Молекула ДНК	
	в) Малая молекула, которая	
	связывается с белком	
	г) Клеточный рецептор	

### Тестовые задания

Номер задания	Содержание вопроса	Правильный ответ
	⊥ Задание закрытого типа на установление со	ответствия
31.	Установите соответствие между этапом	1- Б
	разработки лекарства и	2- A
	биоинформатическим методом/ресурсом,	3- B
	который на этом этапе используется:	4- Γ
	Этапы:	
	1. Поиск и валидация мишени для	
	лекарства.	
	2. Дизайн низкомолекулярного	
	лекарственного соединения.	
	3. Оценка фармакокинетики и токсичности	
	(in silico ADMET).	
	4. Разработка биопрепарата	
	(моноклонального антитела).	
	M/D	
	Методы/Ресурсы: А) Молекулярный докинг.	
	Б) Анализ данных RNA-seq для	
	идентификации генов, ассоциированных с	
	болезнью.	
	В) Предсказание свойств с помощью QSAR	
	(количественных структурно-активных	
	соотношений).	
	Г) Сравнение вариабельных доменов	
	антител с базами данных (например,	
	IMGT).	
2.	Задание закрытого типа на установление по	оследовательности
32.	Установите последовательность этапов	4, 1, 5, 2, 3
	репозиции (перепрофилирования)	
	существующего лекарства.	
	1. Сравнительный анализ транскриптомных	
	или протеомных профилей.	
	2. Выдвижение гипотезы о новой мишени	
	или новом заболевании для известного	
	препарата.	
	3. Проведение доклинических и	
	клинических исследований для	
	подтверждения эффективности при новом	
	показании.	
	4. Создание базы данных молекулярных	
	профилей (например, генной экспрессии)	
	для различных заболеваний и	
	лекарственных соединений.	

5. Сопоставление молекулярных "отпечатков" препарата и заболевания.

#### 3. Задание открытого типа с развернутым ответом/ задача

- 33. Пациенту планируется назначить препарат клопидогрел для предотвращения тромбозов. Известно, что его эффективность зависит от полиморфизма в гене СҮР2С19 (фермент, отвечающий за активацию пролекарства). Основные аллели: СҮР2С19\\*1 (нормальная функция), СҮР2С19\\*2 (нефункциональный). Пациент гетерозиготен по аллелю \\*2 (генотип  $^*1/^*2$ ). Используя базу данных PharmGKB (https://www.pharmgkb.org/), определите фенотип пациента по метаболизму клопидогреля и дайте рекомендацию по терапии.
- Поиск информации PharmGKB: · Переходим на сайт PharmGKB. · В поиске вводим "clopidogrel" находим соответствующую страницу препарата. Находим раздел, посвященный гену СҮР2С19 и его влиянию на клопидогрел. 2. Интерпретация генотипа: Согласно руководствам, размещенным в PharmGKB (на Clinical основе данных Pharmacogenetics Implementation Consortium - СРІС): · Генотип \\*1/\\*1 -> Нормальный метаболизм -> стандартная доза клопидогреля. · Генотип  $^*1/^*2$ -> Промежуточный метаболизм -> сниженная активация Риск пролекарства. недостаточного антиагрегантного эффекта. Генотип \\*2/\\*2 → Медленный метаболизм -> высокий риск неэффективности клопидогреля. 3. Формулировка рекомендации: У пациента \\*1/\**\***2, генотип что фенотипу соответствует "промежуточный метаболизм". · Рекомендация: Рассмотреть альтернативную антиагрегантную терапию, не зависящую метаболизма СҮР2С19, например, прасугрель тикагрелор (если нет противопоказаний). Если продолжить терапию клопидогрелем, необходимо усилить клиническое наблюдение за эффективностью (например, помощью агрегометрии), понимая повышенный риск тромботических событий. Вывол: Ha основе данных

Разаболезативного ответа из предложенных с последующим объясиением своето выбора  36. Какой тип базы дашных спользования добъясиением своето выбора  37. Основная использования добъяси заболезаниями?  38. Какой тип базы дашных использования добъясиением своето выбора  36. Какой тип базы дашных использования добъясиением своето выбора  37. Основная цель фармакоинформатики — заго:  38. Основная поделоженных с последующим объясиением своето выбора  38. Какой тип базы дашных используется для поиска информации объясиением своето выбора  36. Какой тип базы дашных используется для поиска информации объясиением своето выбора  37. Основная цель фармакоинформатики — заго:  а) Изучение пародной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств  в) Производство фармацевтических субстащий г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске информатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных езяспіаї генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки г) Разработать нистрижицию по применению  2 Разработать нистрижицию по применению  3 Разработать нистрижицию по применению  4 Разработать нистрижицию по применению			фармакогеномики из базы
\			PharmGKB установлено, что
промсжуточным   метаболизаторам клопидогреля, что является основанием для рассмотрения альтернативной терапии для достижения надежного антиагрегантного эффекта.  4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополить предложенное  34. Стратегия поиска повых показаний для уже существующих лекаретвенных средств е помощью биоинформатических инструментов называется  35. Область биоинформатики, которая предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе сто структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своето выбора  36. Какой тип базы дашных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP  б) PDB  в) PubChem г) КЕGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение пародной медиципы б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать теном бактерии для поиска уникальных сязентай генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесе розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			I
метаболизаторам клопидогреля, что является основанием для рассмотрения альтернативной терапии для достижения надежного антиагрегантного эффекта.  4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное  34. Стратстия поиска новых показаний для уже существующих лекарственных средств с помощью бноинформатических инструментов называется .  35. Область бноинформатических инструментов называется .  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP  б) PDB  в) PubChem г) КЕGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и напализ информации па всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств в При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Про нализировать геном бактерии для поиска упикальных вземей при поиска упикальных свестном, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесе розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			$^*1/^*2$ относится к
что является основанием для рассмотрения альтернативной терапии для достижения надежного антиагрегантного эффекта.   4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное   34.   Стратегия поиска новых показаний для уже существующих лекарственных средств с помощью биоинформатических инструментов называется			промежуточным
что является основанием для рассмотрения альтернативной терапии для достижения надежного антиагрегантного эффекта.   4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное   34.   Стратегия поиска новых показаний для уже существующих лекарственных средств с помощью биоинформатических инструментов называется			1 -
рассмотрения альтерпативной терапии для достижения надежного антиагрегантного эффекта.  4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное существующих лекаретвенных средств с помощью бноинформатических инструментов называется предсказывает токсичность и побочные эффекта вещества на основе его структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объясиением своего выбора (в Ројупогрћіятя (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP (5) PDB в) РиbChem г) КЕGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины (6) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекаретв в) Произволство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекаретв в Произволство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекаретв в При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Про поиске инкальных съсстать мишенями (6) Уккорить процесе розлива лекаретв в ампулы в) Определить цвет таблетки			1 -
Терапии для достижения надежного антиагрегантного эффекта.			
Надлежного антиагрегантного эффекта.			<u> </u>
3-ффекта.   3-ффекта.   3-ффекта.   3-ффекта.   3-ффекта.   3-ффекта.   3-ффекта.   3-ффекта   3-ффекта   3-ффекта   3-ффекты веществи поиска новых показаний для уже существующих лекарственных средств с помощью биоинформатических инструментов называется   3-5.   3-ффекты вещества на основе его структуры, называется   токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется   токсикология.   3-5.   3-адания комбинированного типа с выбором одного/пескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяспением своего выбора   3-6.   Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide   Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?   а) dbSNP   6) PDB   в) PubChem   г) KEGG   37.   Основная цель фармакоинформатики — это:   а) Изучение народной медицины   6) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств   в) Производство фармацевтических субстанций   г) Разработка упаковки для лекарств   в) Производство фармацевтических субстанций   г) Разработка упаковки для лекарств   в) Производство фармацевтических субстанций   г) Разработка упаковки для лекарств   в) Производство фармацевтических субстанций   г) Разработка упаковки для лекарств   в) Проавализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мищенями   б) Ускорить процесе розлива лекарств в ампулы   в) Определить цвет таблетки			_
4. Задания открытого типа с кратким ответом/ вставить термин, словосочетание, дополнить предложенное  34. Стратетия поиска новых показаний для уже существующих лекарственных средств с помощью биоинформатических инструментов называется  35. Область биоинформатики, которая предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяспением своего выбора  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP  б) PDB  в) PubChem г) KEGG  37. Основная пель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  В) Призводство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибистиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать минисиями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			<u> </u>
34.   Стратегия поиска новых показаний для уже существующих лекарственных средств с помощью биоинформатических инструментов называется   35.   Область биоинформатики, которая предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.   5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора ноиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями? а) dbSNP (б) PDB в) PubChem г) KEGG   Основная цель фармакоинформации на всех этапах создания и использования лекарств в) Произволство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств в) Произволство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств в При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишснями (б) Ускорить процесе розлива лекарств в амиулы в) Определить цвет таблетки	4.	∟ Залания открытого типа с кратким ответом	
34. Стратегия поиска новых показаний для уже существующих лекарственых средств с помощью биоинформатических инструментов называется			r
существующих лекарственных средств с помощью биоинформатических инструментов называется  35. Область биоинформатики, которая предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких иравильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями? а) dbSNP 6) PDB в) PubChem г) КЕGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение пародной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств В При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проавлизировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесе розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			репозиционирование (или
помощью биоинформатических инструментов называется		_	репрофилирование) лекарств
35. Область биоинформатики, которая предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.   токсикология.     5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объясиением своего выбора     36. Какой тип базы данных используется для поиска ниформации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?   а) dbSNP   б) PDB   в) PubChem   г) KEGG     37. Основная цель фармакоинформатики — это:   а) Изучение народной медицины   б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств   в) Производство фармацевтических субстанций   г) Разработка упаковки для лекарств   в) При поиске новых антибиотиков   биоинформатика может помочь:   а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мишенями   б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы   в) Определить цвет таблетки			
35. Область биоинформатики, которая предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.   Токсикология.   Токсикология.   Токсикология.   Токсикология.   Токсикольских правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора   Зб. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?   а) dbSNP   б) PDB   в) PubChem   КЕGG   Вристением своего выбора   Вристением своего выбора   Вристением своего выбора   А   Основная цель фармакоинформатики — это:   а) Изучение народной медицины   б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств   в) Производство фармацевтических субстанций   г) Разработка упаковки для лекарств   В) Пропоиске новых антибиотиков   биоинформатика может помочь:   а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мишенями   б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы   в) Определить цвет таблетки   В Определить цвет таблетки			
предсказывает токсичность и побочные эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP  б) PDB  в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств в) Про поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки	35.		in silico
эффекты вещества на основе его структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP б) PDB в) PubChem г) КЕGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных езsential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		1 1 1	
структуры, называется токсикология.  5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP  б) PDB  в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это:  а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проапализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		_	
5. Задания комбинированного типа с выбором одного/нескольких правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора  36. Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?  а) dbSNP  б) PDB  в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — 5 это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных еssential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		••	
Правильного ответа из предложенных с последующим объяснением своего выбора   36.   Какой тип базы данных используется для поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями?   а) dbSNP	5.		лодного/нескольких
поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями? а) dbSNP б) PDB в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
поиска информации о Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) и их связи с заболеваниями? а) dbSNP б) PDB в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки	36.	Какой тип базы данных используется для	A
заболеваниями?  а) dbSNP б) PDB в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
заболеваниями?  а) dbSNP б) PDB в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
б) PDB в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
б) PDB в) PubChem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		a) dbSNP	
в) РиbСhem г) KEGG  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		· ·	
г) КЕСС  37. Основная цель фармакоинформатики — это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		,	
Основная цель фармакоинформатики — это:     а) Изучение народной медицины     б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств     в) Производство фармацевтических субстанций     г) Разработка упаковки для лекарств      38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь:     а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями     б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы     в) Определить цвет таблетки		'	
это: а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки	37.		Б
а) Изучение народной медицины б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
б) Управление и анализ информации на всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
всех этапах создания и использования лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		_ / • • • • • • • • • • • • • • • • • •	
лекарств в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков А биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
в) Производство фармацевтических субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков А биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
субстанций г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		=	
г) Разработка упаковки для лекарств  38. При поиске новых антибиотиков А биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential reнов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
38. При поиске новых антибиотиков биоинформатика может помочь:  а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки		•	
биоинформатика может помочь: а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки	38.		A
а) Проанализировать геном бактерии для поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
поиска уникальных essential генов, которые могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
могут стать мишенями б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
б) Ускорить процесс розлива лекарств в ампулы в) Определить цвет таблетки			
ампулы в) Определить цвет таблетки		•	
в) Определить цвет таблетки			
		-	
		г) Разработать инструкцию по применению	

20	Fana warrens VECC (Variate Emercal and Line of	Б
39.	База данных KEGG (Kyoto Encyclopedia of	D
	Genes and Genomes) полезна для:	
	а) Поиска химических поставщиков	
	б) Анализа биохимических путей и сетей	
	взаимодействия в клетке	
	в) Хранения только геномных	
	последовательностей	
	г) Регистрации клинических испытаний	
40.	Какой из этапов НЕ относится к типичному	Γ
	процессу компьютерного дизайна	
	лекарств?	
	а) Поиск и валидация мишени	
	б) Виртуальный скрининг химических	
	библиотек	
	в) Синтез и биологическое тестирование	
	лучших кандидатов	
	г) Размещение рекламы лекарства на	
	телевидении	

#### 3.2. Критерии и шкалы оценивания.

#### Текущий контроль по дисциплине

Оценивание обучающегося на занятиях осуществляется в соответствии с локальным актом университета (положением), регламентирующим проведение текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся и организации учебного процесса.

#### Промежуточная аттестация по дисциплине

#### Форма промежуточной аттестации – 5 семестр - Зачет.

На промежуточной аттестации обучающийся оценивается зачтено; не зачтено.

Результат обучения по дисциплине считается достигнутым при получении обучающимся оценки «зачтено», «удовлетворительно», «хорошо», «отлично» по каждому из контрольных мероприятий, относящихся к данному результату обучения.

#### Форма промежуточной аттестации – 6 семестр - Экзамен.

Оценка *«отлично»* выставляется обучающемуся, если дан полный, развернутый ответ на поставленный вопрос, системно показана совокупность освоенных знаний об объекте, проявляющаяся в свободном оперировании понятиями, умении выделить существенные и несущественные его признаки, причинно-следственные связи. Ответ формулируется при помощи научного категориально-понятийного аппарата, изложен последовательно, логично, доказательно, демонстрирует авторскую позицию студента.

Оценка *«хорошо»* выставляется обучающемуся, если дан полный, развернутый ответ на поставленный вопрос, показана совокупность осознанных знаний об объекте, доказательно раскрыты основные положения темы; в ответе прослеживается четкая структура, логическая последовательность, отражающая сущность раскрываемых понятий, теорий, явлений. Ответ изложен последовательно, логично и доказательно, однако допущены недочеты в определении понятий, исправленные студентом самостоятельно в процессе ответа.

Оценка *«удовлетворительно»* выставляется обучающемуся, если дан полный, но недостаточно последовательный ответ на поставленный вопрос, но при этом показано умение выделить существенные и несущественные признаки и причинно-следственные связи. Ответ логичен и изложен научным языком. Могут быть допущены две-три ошибки в определении основных понятий, которые студент затрудняется исправить самостоятельно.

Оценка *«неудовлетворительно»* выставляется обучающемуся, если дан неполный ответ, представляющий собой разрозненные знания по теме вопроса с существенными ошибками в определениях. Присутствуют фрагментарность, нелогичность изложения. Студент не осознает связи между понятиями, концептуальные пересечения, структурные закономерности между различными объектами дисциплины. Отсутствуют выводы, конкретизация и доказательность изложения. Речь неграмотная. Дополнительные и уточняющие вопросы преподавателя не приводят к коррекции ответа студента не только на поставленный вопрос, но и на другие вопросы дисциплины.

Результат обучения по дисциплине считается достигнутым при получении обучающимся оценки «зачтено», «удовлетворительно», «хорошо», «отлично» по каждому из контрольных мероприятий, относящихся к данному результату обучения.

Критерии оценки образовательных результатов обучающихся на зачете и экзамене по дисциплине

по дисциплине			
	освоения Оценка зачета, зачета		Критерии оценки образовательных результатов
ОПОП	-оценкой (нормативная) і	вкомпетенций	
рейтингов	вые баллы 5-балльной шкале		
85-100	Зачтено, 5, отлично	Высокий	ЗАЧТЕНО, ОТЛИЧНО заслуживает обучающийся,
		(продвинутый)	обнаруживший всестороннее, систематическое и
			глубокое знание учебно-программного материала на
			занятиях и самостоятельной работе. При этом,
			рейтинговая оценка (средний балл) его текущей
			аттестации по дисциплине входит в диапазон 85-
			100.
			При этом, на занятиях, обучающийся
			исчерпывающе, последовательно, чётко и логически
			стройно излагал учебно-программный материал,
			умел тесно увязывать теорию с практикой, свободно
			справлялся с задачами, вопросами и другими
			видами применения знаний, предусмотренные
			программой. Причем обучающийся не затруднялся
			с ответом при видоизменении предложенных ему заданий, правильно обосновывал принятое решение,
			демонстрировал высокий уровень усвоения
			основной литературы и хорошо знакомство с
			дополнительной литературой, рекомендованной
			программой дисциплины.
			Как правило, оценку «отлично» выставляют
			обучающемуся, усвоившему взаимосвязь основных
			понятий дисциплины в их значение для
			приобретаемой профессии, проявившему
			творческие способности в понимании, изложении и
			использовании учебно-программного материала.
			Рейтинговые баллы назначаются обучающемуся с
			учётом баллов текущей (на занятиях) и (или)
			рубежной аттестации (контроле).

70-84	Зачтено, 4, хорошо	Хороший (базовый)	ЗАЧТЕНО, ХОРОШО заслуживает обучающийся,
, , , ,	ou irone, i, nepeme	Tepemini (cuscasii)	обнаруживший осознанное (твердое) знание учебно-
			программного материала на занятиях и
			самостоятельной работе. При этом, рейтинговая
			оценка (средний балл) его текущей аттестации по
			дисциплине входит в диапазон 70-84.
			На занятиях обучающийся грамотно и по существу
			излагал учебно-программный материал, не допускал
			существенных неточностей в ответе на вопрос,
			правильно применял теоретические положения при
			решении практических вопросов и задач, владел
			необходимыми навыками и приёмами их
			выполнения, уверенно демонстрировал хороший
			уровень усвоения основной литературы и
			достаточное знакомство с дополнительной
			литературой, рекомендованной программой
			дисциплины.
			Как правило, оценку «хорошо» выставляют
			обучающемуся, показавшему систематический
			характер знаний по дисциплине и способным к их
			самостоятельному пополнению и обновлению в
			ходе дальнейшей учебной работы и
			профессиональной деятельности.
			Рейтинговые баллы назначаются обучающемуся с
			учётом баллов текущей (на занятиях) и (или)
			рубежной аттестации (контроле).
60-69	Pauraua 3	Достаточный	ЗАЧТЕНО, УДОВЛЕТВОРИТЕЛЬНО заслуживает
00-09	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	7 '	, , ,
	удовлетворительно	(минимальный)	обучающийся, обнаруживший минимальные
			(достаточные) знания учебно-программного
			материала на занятиях и самостоятельной работе.
			При этом, рейтинговая оценка (средний балл) его
			текущей аттестации по дисциплине входит в
			диапазон 60-69.
			На занятиях обучающийся демонстрирует знания
			только основного материала в объеме, необходимом
			для дальнейшей учебы и предстоящей
			профессиональной работы, слабое усвоение
			деталей, допускает неточности, в том числе в
			формулировках, нарушает логическую
			последовательность в изложении программного
			материала, испытывает затруднения при
			выполнении практических заданий и работ,
			знакомый с основной литературой, слабо
			(недостаточно) знаком с дополнительной
			литературой, рекомендованной программой.
			Как правило, оценку «удовлетворительно»
			выставляют обучающемуся, допускавшему
			выставляют обучающемуся, допускавшему погрешности в ответах на занятиях и при
			погрешности в ответах на занятиях и при
			погрешности в ответах на занятиях и при выполнении заданий, но обладающим
			погрешности в ответах на занятиях и при выполнении заданий, но обладающим необходимыми знаниями для их устранения под
			погрешности в ответах на занятиях и при выполнении заданий, но обладающим необходимыми знаниями для их устранения под руководством преподавателя.
			погрешности в ответах на занятиях и при выполнении заданий, но обладающим необходимыми знаниями для их устранения под руководством преподавателя. Рейтинговые баллы назначаются обучающемуся с
			погрешности в ответах на занятиях и при выполнении заданий, но обладающим необходимыми знаниями для их устранения под руководством преподавателя.

Менее 60	Не зачтено, 2,Недостато	чный (нижеНЕ ЗАЧТЕНО, НЕУДОВЛЕТВОРИТЕЛЬНО
	неудовлетворительно минималь	
		большей части учебно-программного материала,
		допускает существенные ошибки, неуверенно, с
		большими затруднениями выполняет практические
		работы на занятиях и самостоятельной работе.
		Как правило, оценка «неудовлетворительно»
		ставится обучающемуся продемонстрировавшего
		отсутствие целостного представления по
		дисциплине, предмете, его взаимосвязях и иных
		компонентов.
		При этом, обучающийся не может продолжить
		обучение или приступить к профессиональной
		деятельности по окончании вуза без
		дополнительных занятий по соответствующей
		дисциплине.
		Компетенции, закреплённые за дисциплиной,
		сформированы на недостаточном уровне или не
		сформированы.
		Рейтинговые баллы назначаются обучающемуся с
		учётом баллов текущей (на занятиях) и (или)
		рубежной аттестации (контроле).

Промежуточная аттестация может проводиться в форме компьютерного тестирования. Обучающемуся отводится для подготовки ответа на один вопрос открытого и закрытого типа не менее 5 минут.

Итоговая оценка при проведении зачета выставляется с использованием следующей шкалы.

Оценка	Правильно решенные тестовые задания (%)
«зачтено»	60-100
«незачтено»	0-59

Итоговая оценка при проведении экзамена выставляется с использованием следующей шкалы.

Оценка	Правильно решенные тестовые задания (%)
«отлично»	90-100
«хорошо»	70-89
«удовлетворительно»	60-69
«неудовлетворительно»	0-59