

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Наумова Наталья Александровна
Должность: Ректор
Дата подписания: 26.08.2026 17:46:18
Уникальный программный ключ:
6b5279da4e034bff679172803da5b7b559fc69e2

МИНИСТЕРСТВО ПРОСВЕЩЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ»
(ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ)

Факультет естественных наук
Кафедра общей биологии и биоэкологии

Согласовано
и.о. декана факультета естественных наук
«14» 04 2026 г.
/Лялина И.Ю./

Рабочая программа
Учебной практики (ознакомительной практики)

Направление подготовки
06.04.01 Биология

Профиль:
Биоинформатика и анализ больших данных
в экологическом мониторинге

Квалификация
Магистр

Форма обучения
Очная

Согласовано учебно-методической
комиссией факультета естественных наук
Протокол «14» 04 2026 г. № 6
Председатель УМКом /Лялина И.Ю./

Рекомендовано кафедрой общей биологии
и биоэкологии
Протокол от «06» 03 2026 г. № 2
Зав. кафедрой /Гордеев М.И./

Москва
2026

Авторы-составители:

Гордеев Михаил Иванович, доктор биологических наук, профессор кафедры общей биологии и биоэкологии ФГАОУ ВО «Государственный университет просвещения»

Москаев Антон Вячеславович, кандидат биологических наук, доцент кафедры общей биологии и биоэкологии ФГАОУ ВО «Государственный университет просвещения»

Темников Андрей Андреевич, старший преподаватель кафедры общей биологии и биоэкологии ФГАОУ ВО «Государственный университет просвещения»

Рабочая программа учебной практики (ознакомительной практики) составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.04.01 Биология, утвержденного приказом МИНОБРНАУКИ РОССИИ от 11.08.2020г., № 934.

Учебная практика (ознакомительная практика) входит в обязательную часть Блока 2 «Практика», и является обязательной для изучения.

Оглавление

1. ВИД, ТИП, ОБЪЕМ ПРАКТИКИ, СПОСОБЫ ЕЕ ПРОВЕДЕНИЯ (В СООТВЕТСТВИИ С ТРЕБОВАНИЯМИ, УСТАНОВЛЕННЫМИ ФГОС)	5
2. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПРИ ПРОХОЖДЕНИИ ПРАКТИКИ, СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ.....	6
3. МЕСТО ПРАКТИКИ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	9
4. Содержание практики.....	10
5. Формы отчетности по практике	16
5.1. Дневник практики	16
5.2. Итоговый отчёт о прохождении практики	17
5.3. Презентация для защиты.....	17
5.4. Дополнительные материалы (по запросу руководителя)	18
5.5. Сроки сдачи	18
5.6. Процедура защиты	18
6. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ: МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)	19
6.1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы	19
6.2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания	20
6.3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы. ..	25
6.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций.	27
7. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРАКТИКИ	31
8. ПЕРЕЧЕНЬ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ, ИСПОЛЬЗУЕМЫХ ПРИ ПРОВЕДЕНИИ ПРАКТИКИ, ВКЛЮЧАЯ ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)	33
8.1. Лицензионное программное обеспечение	33
8.2. Свободно распространяемое программное обеспечение (в том числе отечественного производства)	33
8.3. Информационные справочные системы.....	34
8.4. Профессиональные базы данных.....	34
8.5. Требования к обеспечению учебного процесса программным обеспечением	34
9. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРАКТИКИ	35
9.1. Учебные аудитории для проведения лекционных и групповых занятий.....	35
9.2. Компьютерный класс (лаборатория) для выполнения практических заданий	35

9.3. Перечень оборудования и расходных материалов для камеральной работы (при очном проведении в лаборатории)	36
9.4. Программное обеспечение и вычислительные ресурсы	36
9.5. Доступ к электронной информационно-образовательной среде (ЭИОС) университета	37
9.6. Требования к технике безопасности и санитарные нормы.....	37

1. ВИД, ТИП, ОБЪЕМ ПРАКТИКИ, СПОСОБЫ ЕЕ ПРОВЕДЕНИЯ (В СООТВЕТСТВИИ С ТРЕБОВАНИЯМИ, УСТАНОВЛЕННЫМИ ФГОС)

Вид практики – учебная практика.

Тип практики – ознакомительная практика.

Способ проведения – стационарная.

Форма проведения – непрерывно

Место проведения - компьютерные лаборатории факультета естественных наук Государственного университета просвещения, а также удалённый доступ к вычислительным ресурсам (серверы, облачные среды).

Объем практики:

Показатель	Часы
Общая трудоёмкость	216 часов (6 з.е.)
Контактная работа с преподавателем (всего)	4,2
Самостоятельная работа (практическая подготовка)	204
Контроль (подготовка отчёта, дневника, презентации)	7,8

Форма промежуточной аттестации – зачёт с оценкой (в 1 семестре 1 курса).

2. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПРИ ПРОХОЖДЕНИИ ПРАКТИКИ, СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

2.1. Цель и задачи практики

Учебная практика (ознакомительная) является логическим продолжением и практическим закреплением дисциплины «Биоинформационные подходы в геномике». Она направлена на формирование у магистрантов профессиональных компетенций в области анализа данных высокопроизводительного секвенирования (NGS). В ходе практики студенты осваивают полный цикл обработки геномных данных – от загрузки сырых прочтений из международных баз до аннотации генетических вариантов – с использованием современного программного инструментария и вычислительной среды Linux. Результаты практики обеспечивают основу для успешного выполнения научно-исследовательской работы и подготовки магистерской диссертации.

Цель практики – закрепление и углубление теоретических знаний, полученных при изучении дисциплины «Биоинформационные подходы в геномике», а также формирование у магистрантов практических навыков самостоятельной обработки и анализа данных секвенирования нового поколения (NGS) с использованием современного биоинформатического инструментария.

Задачи практики:

Освоение вычислительной среды

- Приобретение навыков работы в командной строке Linux (файловая система, управление процессами, конвейеры).
- Установка и настройка биоинформатических пакетов с помощью менеджера Conda.

Работа с базами данных и форматами

- Загрузка сырых данных из международных архивов (NCBI SRA, ENA).
- Изучение структуры и преобразование ключевых форматов (FASTQ, FASTA, SAM/BAM, VCF).

Контроль качества и препроцессинг

- Оценка качества прочтений с помощью FastQC и MultiQC,
- Удаление адаптерных последовательностей и низкокачественных концов (Trimmomatic, cutadapt).

Картирование на референсный геном

- Построение индекса референсного генома.
- Выравнивание прочтений с использованием BWA/Bowtie2.
- Сортировка, индексация и фильтрация BAM-файлов (SAMtools).
- Визуализация выравниваний в Integrative Genomics Viewer (IGV).

Поиск и аннотация генетических вариантов

- Выполнение коллинга однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) и инделей с помощью bcftools.
- Фильтрация вариантов по качеству и глубине покрытия.
- Функциональная аннотация вариантов (Snpeff / Ensembl VEP).

Оформление результатов

- Создание воспроизводимого отчёта в формате Jupyter Notebook / R Markdown.
- Подготовка краткой презентации для защиты практики.

2.2 Планируемые результаты обучения при прохождении практики

В результате прохождения данной учебной практики у обучающегося формируются следующие компетенции (в соответствии с ФГОС ВО по направлению 06.04.01 Биология и учебным планом):

Код компетенции	Содержание компетенции
ОПК-4	Способен участвовать в проведении экологической экспертизы территорий и акваторий, а также технологических производств с использованием биологических методов оценки экологической и биологической безопасности
ОПК-6	Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок
СПК-2	Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных

Компетенция	Знать	Уметь	Владеть
ОПК-4	– современные методы экологического мониторинга с использованием геномных и метагеномных данных – принципы оценки биологической безопасности на основе молекулярных маркеров	– применять биоинформатические подходы для анализа микробных сообществ (16S, метагеномика) – интерпретировать данные о видовом составе и функциональном потенциале сообществ в контексте экологической экспертизы	– базовыми методами таксономического профилирования (Kraken2, MetaPhlAn) – навыками визуализации экологических данных (QGIS, ggplot2)
ОПК-6	– основные языки и среды программирования в биоинформатике (bash, Conda) – принципы работы с профессиональными базами данных (NCBI SRA, ENA)	– писать простые скрипты для парсинга и преобразования биологических форматов (FASTQ, FASTA, SAM) – осуществлять программный доступ к данным через командную строку и API	– навыками работы в UNIX-подобной операционной системе – техникой подготовки воспроизводимых отчётов (Jupyter Notebook / R Markdown)
СПК-2	– типы эпигенетических модификаций и методы их детекции (ChIP-seq, ATAC-seq, WGBS) –	– запускать программы контроля качества для ChIP-seq/ATAC-seq (FastQC, MultiQC) – выполнять базовый	– навыками ознакомительного мотивного анализа (HOMER, MEME) – способностью оценивать

Компетенция	Знать	Уметь	Владеть
	специализированные форматы данных (bigWig, bedGraph)	пик-коллинг с помощью MACS2	качество эпигенетических данных (FRiP, NSC)

3. МЕСТО ПРАКТИКИ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Учебная практика (ознакомительная) «Биоинформатический практикум: обработка геномных данных» относится к обязательной части Блока 2 «Практика» федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.04.01 Биология (уровень магистратуры).

Практика базируется на знаниях, умениях и компетенциях, сформированных у обучающихся в процессе изучения следующих дисциплин:

Предшествующие дисциплины	Формируемые элементы (знания, умения)
Биоинформатика (работа в базах данных) (Б1.О.05)	– базовые навыки поиска и скачивания данных из GenBank, NCBI SRA; – понимание форматов FASTA, FASTQ; – первичные навыки работы с командной строкой Linux.
Современные компьютерные технологии в науке (Б1.О.02)	– владение операционной системой на уровне пользователя; – умение устанавливать программное обеспечение, работать с файлами и каталогами.
Биоинформационные подходы в геномике (Б1.О.09) – изучается параллельно или непосредственно перед практикой	– теоретические основы NGS-анализа, выравнивания, поиска вариантов; – знание алгоритмов BWA, bcftools, SnpEff; – понимание принципов контроля качества.

В свою очередь, успешное прохождение данной учебной практики является необходимой основой для:

- **Производственной практики (по профилю профессиональной деятельности) (Б2.В.01(П))** – 3 семестр, где студенты будут выполнять самостоятельный научно-производственный проект;
- **Производственной практики (научно-исследовательской работы) (Б2.В.03(Н))** – распределена по 1-3 семестрам, требует навыков первичной обработки геномных данных;
- **Преддипломной практики (Б2.В.02(Пд))** – 4 семестр, в ходе которой студенты завершают анализ для магистерской диссертации;
- **Выполнения курсовых работ и магистерской диссертации** – аналитическая часть, связанная с обработкой NGS-данных.

Таким образом, практика занимает ключевое место в формировании практических навыков работы с геномными данными, обеспечивая переход от теоретического изучения биоинформатических методов к их самостоятельному применению в исследовательской деятельности.

4. Содержание практики

№ п/п	Разделы практики (этапы)	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
1	Подготовительный этап	Установочная лекция: цели, задачи, структура практики, техника безопасности. Инструктаж по работе в Linux (терминал, файловая система, права доступа, переменные окружения). Создание рабочего окружения: установка Conda (Miniconda3), создание виртуального окружения, установка пакетов (fastqc, multiqc, trimmomatic, cutadapt, bwa, bowtie2, samtools, bcftools, snpEff, igv). Знакомство с форматами геномных данных (FASTA, FASTQ, SAM/BAM, VCF, BED, GFF).	2 (контакт: лекция 2 ч) + 20 (СРС: установка ПО, изучение документации, выполнение тестовых команд)	Конспект установочной лекции. Проверка работоспособности установленных программ. Выполнение интерактивного задания по Linux (навигация, создание файлов, права доступа).
2	Основной этап. Модуль 1. Работа с базами данных и загрузка сырых данных	Изучение структуры NCBI SRA (Sequence Read Archive) и ENA. Поиск подходящего датасета (например, данные секвенирования бактериального генома или образца человека). Использование утилит prefetch и fastq-dump для загрузки парно-концевых FASTQ-файлов. Проверка целостности скачанных данных (контрольные суммы, количество ридов). Написание bash-скрипта для автоматической загрузки нескольких образцов.	40 (СРС)	Отчёт по модулю скриншоты терминала командами, выгруженными логами загрузки, созданный скрипт. Краткий анализ содержимого FASTQ-файла (первые записи, структура, кодировка качества).
3	Основной этап. Модуль 2. Контроль качества	Запуск FastQC на исходных FASTQ-файлах. Анализ полученных HTML-отчётов: выявление	40 (СРС)	Отчёт по модулю исходные отчёты

№ п/п	Разделы практики (этапы)	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
	препроцессинг прочтений	проблем (адаптерные последовательности, перепредставленные k-меры, падение качества к концу прочтений, GC-состав). Генерация единого сводного отчёта с помощью MultiQC. Тримминг прочтений: выбор стратегии (скользящее окно, удаление адаптеров, обрезка по качеству). Запуск Trimmomatic (или cutadapt) с обоснованными параметрами. Повторный запуск FastQC на триммированных данных. Сравнение метрик до и после очистки.		FastQC, сводный отчёт MultiQC (до/после), подробное описание выбранных параметров тримминга обоснованием, сравнение графиков качества.
4	Основной этап. Модуль 3. Картирование на референсный геном и визуализация	Построение индекса референсного генома (например, <i>E. coli</i> K-12, хромосомы 22 человека или другого модельного организма) с помощью BWA (bwa index) или Bowtie2 (bowtie2-build). Картирование парно-концевых ридов: выбор алгоритма (BWA-MEM для длинных прочтений, Bowtie2 для коротких). Запуск выравнивания, конвертация SAM в BAM (samtools view -bS), сортировка (samtools sort), индексация (samtools index). Оценка статистик картирования (процент выровненных ридов, парность, уникальность) с помощью samtools flagstat, samtools stats. Фильтрация BAM-файла: удаление дубликатов (samtools markdup), фильтрация по качеству (MAPQ ≥ 30). Визуализация в IGV: загрузка референса и	50 (CPC)	Отчёт по модулю 3, команды для индексации и картирования, скриншот IGV (выравнивание интересующим регионом), таблица статистик картирования, скриншот фильтрации BAM. Выводы о качестве выравнивания.

№ п/п	Разделы практики (этапы)	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
		ВАМ-файла, навигация по выбранному гену или региону, анализ покрытия, просмотр отдельных ридов (в том числе неспаренных, с инделями).		
5	Основной этап. Модуль 4. Поиск и аннотация генетических вариантов	Вариант-коллинг: использование bcftools mpileup и bcftools call. Получение VCF-файла. Фильтрация вариантов: отбор по качеству (QUAL > 30), глубине покрытия (DP > 10), аллельному балансу. Удаление ложноположительных вариантов, связанных с плохим выравниванием, с помощью дополнительных фильтров (например, bcftools filter). Аннотация отфильтрованных вариантов с использованием SnpEff (загрузка базы данных для соответствующего референса, запуск snpEff). Интерпретация аннотаций: определение типа варианта (межгенный, интронный, синонимичный, миссенс, нонсенс, сплайсинговый). Для миссенс-вариантов – указать замену аминокислоты. Сравнение с известными базами (dbSNP, ClinVar) через интерфейс SnpEff или Ensembl VEP (дополнительно).	50 (СРС)	Отчёт по модулю 4. Команды коллинга, фильтрации, исходный отфильтрованный VCF (первые 2 строки), таблица аннотированных вариантов (CHROM, POS, REF, ALT, QUAL, тип эффекта, затронутый ген). Выделить не менее вариантов потенциально значимых функциональным эффектом.
6	Заключительный этап	Оформление итогового отчёта в формате Jupyter Notebook (Python) или R Markdown (R). Отчёт должен включать: титульный лист, цель и задачи, краткое описание	14 (СРС) + 2 (контакт: заключительная лекция)	Дневник практики (подписанный руководителем). Итоговый отчёт

№ п/п	Разделы практики (этапы)	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
		данных, все этапы анализа с кодом и комментариями, визуализации (скриншоты IGV, графики FastQC, таблицы вариантов), обсуждение результатов (качество данных, статистика картирования, обнаруженные варианты и их возможная биологическая роль), выводы. Подготовка презентации (3–5 слайдов) для защиты. Защита отчёта перед комиссией (ответы на вопросы по технологии выполнения работы и интерпретации результатов).		(электронный файл .ipynb или .Rmd экспортированный в PDF/HTML) Презентация Ссылка на GitHub-репозиторий (опционально).
Итого:		216 (включая 4,2 ч контактной работы)		

Содержание учебной практики (ознакомительной практики) по разделам:

Подготовительный этап

Задачи этапа:

- Ознакомление с программой практики, требованиями к отчётности и критериями оценивания.
- Проведение инструктажа по технике безопасности при работе с компьютерным оборудованием и соблюдению этических норм при использовании геномных данных.
- Создание рабочей среды биоинформатика на основе Linux (локальная виртуальная машина, WSL или удалённый сервер).
- Установка и первичная настройка ключевого программного обеспечения через менеджера пакетов Conda.

Деятельность студентов:

- Прослушивание установочной лекции, знакомство с целями и структурой практики.
- Самостоятельная установка Miniconda3, создание изолированного окружения bioinfo_env с перечнем пакетов: fastqc multiqc trimmomatic cutadapt bwa bowtie2 samtools bcftools snpeff igv.
- Выполнение базовых команд Linux: навигация (cd, ls, pwd), работа с файлами (cp, mv, rm, mkdir, chmod), перенаправление потоков (|, >, >>), использование grep, wc, cut, sort, uniq на примере тестовых FASTA/FASTQ файлов.
- Знакомство со структурой форматов FASTQ (заголовок, последовательность, разделитель, строка качества), SAM (обязательные поля FLAG, RNAME, POS, MAPQ, CIGAR, SEQ, QUAL) и VCF (столбцы CHROM, POS, ID, REF, ALT, QUAL, FILTER, INFO).

Результат:

- Подтверждение корректной установки всех пакетов (проверка версий через --version).

- Выполненное письменное задание по работе с Linux (например, скрипт, подсчитывающий число ридов в FASTQ и среднюю длину последовательности).
- Конспект установочной лекции в дневнике практики.

Основной этап. Модуль 1. Работа с базами данных и загрузка сырых данных

Цель модуля – научиться самостоятельно находить и загружать данные секвенирования из открытых архивов (NCBI SRA, ENA) с использованием командной строки.

Деятельность студентов:

- Выбор конкретного датасета по рекомендации преподавателя или из предложенного списка (например, бактериальный геном *Escherichia coli* из проекта PRJNA123456, или данные RNA-seq для модельного растения).
- Освоение структуры SRA: изучение метаданных (Sample, Run, Experiment), понимание терминов run accession, library strategy (WGS, RNA-seq, ChIP-seq).
- Установка SRA Toolkit (если ещё не установлена). Использование prefetch для загрузки SRA-файла по идентификатору и fastq-dump для конвертации в FASTQ с распаиванием (--split-files для парных концов).
- Контроль загруженных данных: проверка размера файлов, подсчёт числа ридов (wc -l и деление на 4), вычисление средней длины последовательности (скрипт на awk или seqtk comp).
- Написание простого bash-скрипта, который автоматически загружает несколько образцов из списка (текстовый файл с идентификаторами run).

Инструменты: prefetch, fastq-dump, seqtk, grep, wc, awk, bash.

Результат модуля:

- Скачанные и верифицированные FASTQ-файлы (не менее 2 млн ридов на образец) в отдельной директории data/raw/.
- Скрипт для автоматизации загрузки.
- Отчёт в дневнике: скриншоты терминала, команды и их пояснение, статистика по файлам (число ридов, средняя длина, GC-состав, вычисленный одним из способов).

Основной этап. Модуль 2. Контроль качества и препроцессинг прочтений

Цель модуля – освоить инструменты оценки качества сырых данных и приёмы их очистки перед выравниванием.

Деятельность студентов:

- Запуск fastqc для каждого FASTQ-файла, анализ HTML-отчётов:
 - оценка качества по позициям (красные зоны);
 - наличие адаптерных последовательностей (раздел "Overrepresented sequences");
 - GC-содержание (сравнение с теоретическим);
 - уровень дубликации;
 - количество N-оснований.
- Генерация единого сводного отчёта с помощью multiqc, объединяющего все образцы.
- Принятие решения о необходимости тримминга: если адаптеры присутствуют или качество на конце прочтений падает ниже Q20, студент подбирает параметры.
- Использование cutadapt для удаления адаптеров (указание последовательности адаптера, например, Illumina универсальный) или Trimmomatic с опциями:
 - ILLUMINACLIP (файл адаптеров);
 - LEADING:3 TRAILING:3 (обрезка концов ниже Q3);
 - SLIDINGWINDOW:4:15 (обрезать, если среднее качество в окне 4 ниже Q15);
 - MINLEN:36 (отбросить короткие чтения).
- Повторный запуск fastqc и multiqc после тримминга, сравнение метрик. Оформление вывода: какие проблемы были устранены, а какие остались (например, GC-состав изменить нельзя).

Инструменты: fastqc, multiqc, cutadapt, trimmomatic, seqtk (опционально).

Результат модуля:

- Очищенные FASTQ-файлы в директории data/trimmed/.
- Два отчёта MultiQC – до и после чистки.

- Таблица сравнения метрик (исходный vs очищенный): % оставшихся ридов, среднее качество, количество адаптеров, GC-состав.
- Обоснование выбранных параметров тримминга в дневнике.

Основной этап. Модуль 3. Картирование на референсный геном и визуализация

Цель модуля – получить выравнивание прочтений на референс, оценить его качество и научиться визуализировать результат.

Деятельность студентов:

- Загрузка референсного генома в формате FASTA (например, из NCBI RefSeq или Ensembl) и его индексация:
 - `bwa index ref.fa` (для BWA-MEM)
 - `bowtie2-build ref.fa ref` (для Bowtie2)
- Выравнивание парно-концевых ридов:
 - `bwa mem ref.fa read1.fastq read2.fastq > aln.sam`
 - `bowtie2 -x ref -1 read1.fastq -2 read2.fastq -S aln.sam`
- Конвертация SAM в BAM, сортировка и индексация:
 - `samtools view -bS aln.sam > aln.bam`
 - `samtools sort aln.bam -o aln.sorted.bam`
 - `samtools index aln.sorted.bam`
- Статистика выравнивания:
 - `samtools flagstat aln.sorted.bam` – общее число ридов, процент картированных, парных, парных в правильной ориентации.
 - `samtools stats aln.sorted.bam` – более детальная статистика (распределение качества картирования, длина вставки).
- Фильтрация BAM: удаление ПЦР-дубликатов (`samtools markdup`), отбор уникально картированных ($MAPQ \geq 30$): `samtools view -b -q 30 aln.sorted.bam > aln.filtered.bam`.
- Визуализация в IGV:
 - загрузка референса и отфильтрованного BAM-файла;
 - переход к интересующему гену (например, *lacZ* у *E. coli* или TP53 у человека);
 - анализ покрытия: наличие выбросов, равномерность;
 - просмотр отдельных прочтений с расщеплёнными концами (CIGAR, содержащий 'N' или 'I/D').

Инструменты: bwa, bowtie2, samtools, IGV, bedtools (опционально).

Результат модуля:

- Отсортированный и профильтрованный BAM-файл + индекс (BAI).
- Таблица статистик картирования (процент выровненных, парных, уникальных).
- Скриншоты IGV с аннотацией (какие особенности видны: SNP, делеция, неправильная ориентация пар).
- Выводы о качестве выравнивания: достаточно ли покрытия, есть ли загрязнение (выравнивание на несколько регионов).

Основной этап. Модуль 4. Поиск и аннотация генетических вариантов

Цель модуля – обнаружить однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) и небольшие индели, отфильтровать ложные срабатывания и приписать им функциональный эффект.

Деятельность студентов:

- Запуск `bcftools mpileup` с последующим `bcftools call`:
 - `bcftools mpileup -f ref.fa aln.sorted.bam | bcftools call -mv -o raw.vcf` (опция `-mv` – мультиаллельный коллинг для вариантов).
- Фильтрация VCF:
 - `bcftools filter -i '%QUAL>30 && DP>10' raw.vcf > filtered.vcf` (можно добавить условие на гомозиготность: `GT="1/1"`).
- Изучение полей VCF: QUAL (качество), DP (глубина), AD (аллельные глубины), GT (генотип).
- Аннотация с помощью SnpEff:

- Скачивание и установка базы для референса (например, snpEff download Escherichia_coli_K12).
- Запуск snpEff eff Escherichia_coli_K12 filtered.vcf > annotated.vcf.
- Анализ аннотаций: поле ANN содержит тип варианта (missense_variant, synonymous_variant, intergenic_region, intron_variant, splice_region_variant и т.д.), название гена, положение в транскрипте, изменение аминокислоты.
- Выбор не менее 5 вариантов, попавших в кодирующие области, и описание их возможного биологического эффекта. Например, миссенс-мутация в гене lacI может изменить связывание репрессора.
- (Дополнительно) Сравнение с dbSNP или ClinVar через веб-интерфейс SnpEff или командную строку (если доступно).

Инструменты: bcftools, snpEff, tabix (для индексации), grep, less.

Результат модуля:

- Отфильтрованный VCF-файл и его аннотированная версия.
- Таблица с вариантами: позиция, референсный аллель, альтернативный, QUAL, эффект, затронутый ген, изменение аминокислоты (для миссенс).
- Обоснование выбора порогов фильтрации.
- Выводы о том, какие варианты могут быть истинными (высокое качество, глубина) и потенциально важными для функции организма.

Заключительный этап

Задачи этапа:

- Интеграция всех полученных результатов в единый документ, обеспечивающий полную воспроизводимость анализа.
- Публичная защита выполненной работы.

Деятельность студентов:

- Создание итогового отчёта в Jupyter Notebook (Python) или R Markdown (R). Отчёт должен содержать:
 - титульный лист с названием практики, ФИО студента, датами;
 - введение: цель, задачи, описание использованных данных (ссылка на SRA);
 - раздел с методами: краткое описание каждого этапа со ссылками на инструменты (версии ПО);
 - раздел результатов: скриншоты, таблицы, графики, фрагменты кода;
 - обсуждение: интерпретация полученных данных (качество сборки, обнаруженные варианты, их возможное влияние);
 - выводы;
 - список литературы и источников данных.
- Экспорт отчёта в формат PDF или HTML (для предоставления руководителю).
- Подготовка презентации (3–5 слайдов) со схемой пайплайна, ключевыми цифрами (количество ридов, процент картирования, число вариантов до и после фильтрации, пример интересного варианта).
- Защита перед комиссией: короткий доклад (5–7 минут), ответы на вопросы по техническим деталям и биологической интерпретации.

Результат заключительного этапа:

- Оформленный дневник практики (с подписью руководителя).
- Итоговый отчёт в электронном виде.
- Презентация.
- Зачёт с оценкой (дифференцированный зачёт) в ведомости.

5. Формы отчетности по практике

По окончании практики обучающийся обязан предоставить руководителю практики от университета **комплект отчётных документов**, включающий:

5.1. Дневник практики

Дневник оформляется в бумажном или электронном виде (по согласованию с руководителем) и должен содержать:

- Титульный лист с указанием ФИО студента, направления подготовки, программы магистратуры, курса, группы, срока практики, ФИО руководителя.
- Календарный план выполнения работ по дням/неделям с указанием:
 - даты;
 - вида выполненной работы (со ссылкой на модули из раздела 4);
 - трудоёмкости в часах;
 - отметки о выполнении (подпись руководителя или электронное подтверждение).
- Краткие заметки о возникавших трудностях и способах их преодоления.
- Итоговое заключение студента о прохождении практики (что удалось освоить, какие навыки приобретены).

Дневник подписывается студентом и руководителем практики.

5.2. Итоговый отчёт о прохождении практики

Отчёт представляется в электронной форме в виде **Jupyter Notebook (.ipynb)** или **R Markdown (.Rmd)** с возможностью экспорта в PDF/HTML. Допускается также оформление в текстовом редакторе с обязательным приложением всех скриптов и логов, однако приоритетным является воспроизводимый формат.

Структура отчёта:

1. **Титульный лист** – по образцу университета.
2. **Введение** (1–2 страницы):
 - Цель и задачи практики (из раздела 2).
 - Краткое описание использованных данных: источник (NCBI SRA, идентификатор проекта/run), тип секвенирования, число ридов, референсный геном.
3. **Основная часть** (разбита по модулям):
 - **Модуль 1. Загрузка данных** – команды prefetch, fastq-dump, скриншоты терминала, статистика по файлам (количество ридов, средняя длина, GC-состав).
 - **Модуль 2. Контроль качества и тримминг** – скриншоты отчётов FastQC/MultiQC до и после очистки, таблица сравнения метрик, обоснование параметров тримминга, команды cutadapt/Trimmomatic.
 - **Модуль 3. Картирование и визуализация** – команды индексации, выравнивания, конвертации, сортировки, фильтрации; таблица статистик samtools flagstat; скриншоты IGV с пояснениями.
 - **Модуль 4. Поиск и аннотация вариантов** – команды bcftools, фильтрация; таблица отфильтрованных вариантов (CHROM, POS, REF, ALT, QUAL, DP, ANN); аннотированные варианты (эффект, ген, аминокислотная замена); выводы о потенциально значимых вариантах.
 - Каждый раздел сопровождается **фрагментами кода** (bash, при необходимости – Python/R) и **комментариями** студента.
4. **Обсуждение**
 - анализ полученных результатов;
 - удалось ли достичь целей практики;
 - какие трудности встретились;
 - как можно улучшить пайплайн;
 - биологическая интерпретация найденных вариантов (например, мутации в гене устойчивости к антибиотикам, делеция в промоторной области и т.п.).
5. **Заключение** (выводы по каждому модулю и общий итог).
6. **Список использованных источников** – литература (из раздела 7 РПД) и ссылки на использованные базы данных, программное обеспечение.
7. **Приложения** (по желанию) – полные версии скриптов, логи работы программ, все VCF-файлы (можно ссылкой на облачное хранилище или GitHub).

5.3. Презентация для защиты

Презентация (3–5 слайдов) готовится в формате PowerPoint, Google Slides, PDF или аналогичном и включает:

- Слайд 1: Название практики, ФИО студента, руководитель.
- Слайд 2: Схема пайплайна обработки данных (блок-схема).
- Слайд 3: Ключевые результаты: количество исходных и очищенных ридов, процент картирования, число вариантов до и после фильтрации.
- Слайд 4: Один пример аннотированного варианта с его возможным биологическим эффектом (скриншот IGV).
- Слайд 5: Основные выводы и приобретённые навыки.

5.4. Дополнительные материалы (по запросу руководителя)

- Ссылка на GitHub/GitLab-репозиторий, содержащий все скрипты, исходные и обработанные файлы (при соблюдении правил конфиденциальности).
- Отдельные файлы: финальный BAM, индексированный BAM, VCF, аннотированный VCF (если объём не превышает допустимые размеры).

5.5. Сроки сдачи

- Дневник и отчёт предоставляются руководителю не позднее, чем за 3 календарных дня до даты защиты, установленной графиком учебного процесса.
- Презентация сдаётся не позднее, чем за 1 день до защиты.

5.6. Процедура защиты

Защита практики проводится перед комиссией (руководитель практики, возможно, другие преподаватели кафедры) в формате краткого доклада студента (5–7 минут) с демонстрацией презентации. После доклада студент отвечает на вопросы:

- по технической реализации пайплайна (почему выбран именно этот инструмент, как интерпретировать тот или иной параметр);
 - по биологической интерпретации результатов (что означает обнаруженный вариант, как он может влиять на фенотип);
 - по возможным улучшениям анализа (какие дополнительные шаги можно добавить).
- По итогам защиты выставляется оценка в соответствии с критериями раздела 6.

6. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ: МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)

6.1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы

Код компетенции	Содержание компетенции	Этапы формирования
ОПК-4	Способен участвовать в проведении экологической экспертизы территорий и акваторий, а также технологических производств с использованием биологических методов оценки экологической и биологической безопасности	1. Подготовительный этап – знакомство с этическими и правовыми аспектами работы с геномными данными (в том числе данными об организмах из охраняемых территорий). 2. Основной этап (модули 1–3) – работа с базами данных, содержащими информацию о биоразнообразии и геномах видов, используемых в экологическом мониторинге. 3. Основной этап (модуль 4) – аннотация вариантов, которые могут быть маркерами адаптации или токсичности (например, гены устойчивости к загрязнителям). 4. Заключительный этап – обсуждение возможного применения биоинформатического пайплайна для экологической экспертизы (в отчёте).
ОПК-6	Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок	1. Подготовительный этап – установка и настройка ПО, работа в командной строке Linux, изучение Conda. 2. Основной этап (модуль 1) – загрузка данных из NCBI SRA, написание bash-скриптов. 3. Основной этап (модули 2–4) – использование профессиональных биоинформатических инструментов (FastQC, Trimmomatic, BWA, samtools, bcftools, SnpEff). 4. Заключительный этап – создание воспроизводимого отчёта в Jupyter Notebook / R Markdown, презентация результатов.
СПК-2	Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных	1. Подготовительный этап – знакомство с форматами данных, используемыми в эпигенетике (bigWig, bedGraph), и инструментами контроля качества. 2. Основной этап (модуль 2) – запуск FastQC/MultiQC для оценки качества данных; эти же инструменты применяются для ChIP-seq/ATAC-seq. 3. Основной этап (модуль 4) – ознакомление с аннотацией вариантов, включая эпигенетические маркеры (на примере изучения CpG-островков, если данные позволяют). 4. Заключительный этап – интерпретация

Код компетенции	Содержание компетенции	Этапы формирования
		результатов анализа в контексте качества эпигенетических данных (FRiP, NSC, RSC – объяснение на лекции, практическое применение – на уровне понимания).

6.2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
ОПК-4 – Способен участвовать в проведении экологической экспертизы территорий и акваторий, а также технологических производств с использованием биологических методов оценки экологической и биологической безопасности	Пороговый	1. Подготовительный этап (знакомство с базами данных, этические нормы). 2. Основной этап, модули 1–3 (загрузка данных, контроль качества, картирование).	Знать: – основные международные базы геномных данных (NCBI SRA, ENA) и их использование в экологических исследованиях; – структуру FASTQ, SAM/BAM, VCF форматов; – базовые метрики качества данных (GC-состав, покрытие, адаптеры). Уметь: – скачивать данные из SRA по идентификатору; – запускать FastQC и MultiQC, интерпретировать отчёты;	Выполнение заданий модулей 1–2 на уровне не менее 60% (согласно шкале выполнения практических работ).	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			– выполнять тримминг прочтений. - Владеть: – элементарными навыками командной строки Linux; – умением составлять простые bash-скрипты для загрузки данных.		
	Продвинутой	2. Основной этап, модуль 4 (аннотация вариантов). 3. Заключительный этап (обсуждение, защита).	Уметь: – интерпретировать аннотированные генетические варианты в контексте экологической безопасности (гены устойчивости к загрязнителю, антибиотику); – предлагать применение биоинформатического пайплайна для оценки загрязнения среды. Владеть: – навыком формулирования выводов о потенциальном биологическом воздействии	Глубина анализа в отчёте, наличие собственных идей по применению в экологии; ответы на вопросы на защите.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета. Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики.

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			обнаружен ных вариантов; – способность адаптировать пайплайн для данных экологического мониторинга.		
ОПК-6 – Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок	Пороговый	1. Подготовительный этап (установка ПО, работа в Linux). 2. Основной этап, модули 1–3 (bash-скрипты, запуск программ).	Знать: – основные команды Linux для работы с файлами и текстом; – синтаксис вызова биоинформатических программ (fastqc, trimmomatic, bwa, samtools); – структуру Jupyter Notebook / R Markdown. Уметь: – запускать конвейер обработки из командной строки; – преобразовывать форматы (SAM→BAM, сортировка, индексация); – создавать простой отчёт с кодом и результатами.	Корректность выполнения технических заданий модулей 1–3.	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			Владеть: – навыками работы в терминале; – умением фиксировать выполненные команды в дневнике.		
	Продвинутый	2. Основной этап, модуль 4 (фильтрация, аннотация) 3. Заключительный этап (оформление отчёта, защита).	Уметь: – модифицировать существующие скрипты для работы с новыми данными или изменённым и параметрами ; – настраивать визуализацию в IGV; – создавать полностью воспроизводимый отчёт в Jupyter/R Markdown с анализом и графиками (без ручного копирования вывода). Владеть: – приёмами отладки биоинформатических пайплайнов; – способами публичного представления результатов (презентация, ответы на вопросы).	Качество оформления отчёта (код, комментарии, визуализация), убедительность защиты.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета. Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики.

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
СПК-2 – Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных	Пороговый	1. Подготовительный этап (знакомство с форматами). 2. Основной этап, модуль 2 (контроль качества).	Знать: – что такое ChIP-seq, ATAC-seq, WGBS (на уровне определений); – метрики качества, общие для NGS (FastQC). Уметь: – запускать FastQC/MultiQC для любых FASTQ-файлов (в том числе эпигенетических); – интерпретировать отчёты на предмет артефактов (адаптеры, дубликация, GC). Владеть: – базовыми навыками контроля качества, применимым к эпигенетическим данным.	Выполнение модуля 2 (качественный анализ отчётов).	Шкала оценивания практических заданий (модулей).
	Продвинутой	2. Основной этап, модуль 4 (аннотация вариантов в контексте эпигенетик). 3. Заключительный этап (защита).	Уметь: – объяснить, чем отличаются критерии качества для ChIP-seq (FRiP, NSC) от стандартных DNA-seq; – при наличии данных	Упоминание в отчёте особенностей эпигенетических данных, демонстрация понимания на защите.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета. Шкала

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			ознакомиться с работой пик-коллера MACS2 (демонстрация преподавателем). Владеть: – основами интерпретации эпигенетической информации (связь вариантов с CpG-островками, регуляторными элементами).		оценивания защиты доклада по итогам практики.

6.3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы.

6.3.1. Примерные задания для оценки выполнения практических заданий (модулей)

Модуль 1. Загрузка данных

Задание:

Используя NCBI SRA Toolkit, загрузите данные образца с идентификатором SRR1234567 (парно-концевые прочтения). Напишите bash-скрипт, который автоматически загружает три образца из заданного списка (файл sra_ids.txt). Подсчитайте количество ридов в каждом FASTQ-файле, среднюю длину прочтения и GC-состав (с помощью seqtk comp или awk). Результаты сохраните в файл stats.txt.

Критерии выполнения:

- Команды prefetch и fastq-dump отработали без ошибок.
- Скрипт автоматизирует загрузку для трёх образцов.
- Подсчёты выполнены, файл stats.txt содержит корректные значения.
- Логи сохранены.

Модуль 2. Контроль качества и тримминг

Задание:

Выполните FastQC для загруженных FASTQ-файлов. Проанализируйте отчёты, выявите проблемы (адаптеры, падение качества, перепредставленные последовательности). Подберите параметры тримминга в Trimmomatic (или cutadapt), чтобы удалить адаптеры Illumina и обрезать концы с качеством ниже Q20. Запустите тримминг. Повторно выполните FastQC и MultiQC. Сравните метрики до и после, оформите таблицу сравнения (процент оставшихся ридов, среднее качество, количество адаптеров).

Критерии выполнения:

- Исходные и итоговые отчёты FastQC/MultiQC предоставлены.
- Выбранные параметры тримминга обоснованы в отчёте.
- Таблица сравнения заполнена, сделаны выводы об эффективности очистки.

Модуль 3. Картирование и визуализация**Задание:**

Скачайте референсный геном *Escherichia coli* K-12 (NC_000913) из NCBI. Постройте индекс для BWA. Выполните картирование триммированных ридов на референс. Отсортируйте полученный BAM-файл, индексируйте его. С помощью samtools flagstat и samtools stats получите статистику выравнивания. Отфильтруйте BAM-файл, оставив только уникально картированные риды ($MAPQ \geq 30$). В IGV откройте референс и BAM-файл. Найдите регион гена lacZ (позиции примерно 365000–410000). Сделайте скриншот, показывающий покрытие и примеры выравниваний. Опишите, видны ли какие-либо несоответствия референсу.

Критерии выполнения:

- Все команды выполнены, BAM-файл отсортирован и индексирован.
- Статистики картирования зафиксированы в отчёте.
- Фильтрация выполнена корректно.
- Скриншот IGV с пояснениями приложен.

Модуль 4. Поиск и аннотация вариантов**Задание:**

Используя bcftools mpileup и bcftools call, выполните вариант-коллинг на отфильтрованном BAM-файле. Получите VCF. Отфильтруйте варианты по качеству ($QUAL > 30$) и глубине покрытия ($DP > 10$). С помощью SnpEff (база *Escherichia coli* K12) аннотируйте отфильтрованные варианты. Выберите 5 вариантов, попадающих в кодирующие области. Для каждого укажите: позицию, тип замены (миссенс, нонсенс, синонимичная), название гена, изменение аминокислоты. Сделайте вывод о возможном функциональном влиянии.

Критерии выполнения:

- VCF создан, фильтрация выполнена.
- SnpEff запущен, аннотированный VCF получен.
- Таблица с 5 вариантами оформлена, интерпретация приведена.
- Выводы осмысленны.

6.3.2. Примерные вопросы для оценки защиты доклада по итогам практики**Технические вопросы (проверка ОПК-6, СПК-2):**

1. Что такое FASTQ-формат? Как кодируется качество основания (шкала Phred)?
2. Какие ключевые метрики в отчёте FastQC сигнализируют о проблемах с адаптерами или низким качестве?
3. В чём разница между жёстким (hard) и мягким (soft) триммингом? Когда применяется каждый?
4. Объясните алгоритм работы BWA-MEM. Почему он подходит для картирования коротких прочтений?
5. Что означает MAPQ в SAM-файле? Как отфильтровать BAM, оставив только уникально картированные риды?
6. Какие поля содержит VCF-файл? Что такое QUAL, DP, AD, GT?
7. Как работает bcftools mpileup? Какие параметры влияют на чувствительность поиска вариантов?
8. Что такое SnpEff? Какие типы эффектов варианта он предсказывает? Приведите примеры.
9. Как оценить качество сборки генома по BAM-файлу (покрытие, процент выравненных ридов)?
10. Зачем нужна индексация BAM-файла? Что такое BAI-файл?

Биологические и прикладные вопросы (проверка ОПК-4):

1. Какие генетические варианты могут быть маркерами устойчивости бактерий к антибиотикам?
2. Как можно использовать метагеномное профилирование для оценки загрязнения окружающей среды?
3. Что такое «генетический мониторинг»? Какие данные нужны для его проведения?
4. Объясните, как SNP в промоторной области гена может повлиять на его экспрессию.
5. Какие этические аспекты нужно учитывать при работе с геномными данными человека?

Вопросы по интерпретации результатов (проверка всех компетенций):

1. В вашем анализе были обнаружены миссенс-мутации в гене *huz*. Как вы оцениваете их потенциальную значимость?
2. Почему вы выбрали именно такие пороги фильтрации вариантов (QUAL, DP)?
3. Как изменился бы ваш пайплайн, если бы данные были получены методом RNA-seq, а не DNA-seq?
4. Какие дополнительные шаги вы могли бы добавить для улучшения качества вариантного коллинга?
5. Предложите способ проверить, являются ли найденные варианты истинными, а не артефактами выравнивания.

6.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций.

Оценка результатов прохождения практики осуществляется в ходе **промежуточной аттестации** (зачёт с оценкой) на основании выполнения студентом всех видов работ, предусмотренных программой практики.

Процедура оценивания включает три последовательных этапа:

1. **Текущий контроль выполнения практических заданий (модулей 1–4)** – осуществляется руководителем практики по мере сдачи студентом результатов каждого модуля. Максимальная оценка за модули – **40 баллов** (по 10 баллов за каждый модуль).
2. **Проверка и оценка дневника и итогового отчёта** – проводится после завершения всех модулей, но до защиты. Максимальная оценка – **30 баллов**.
3. **Защита результатов практики** (презентация, доклад, ответы на вопросы) – проводится перед комиссией. Максимальная оценка – **30 баллов**.

Общая сумма баллов за практику – 100 баллов.

Условие допуска к защите: студент должен набрать не менее **17 баллов** (пороговый уровень) по шкале «Выполнение практических заданий», в противном случае защита не проводится, практика считается не пройденной.

6.4.1. Шкала оценивания выполнения практических заданий (модулей 1–4) – 40 баллов

Показатель	Баллы
Отлично (высокий уровень). Студент демонстрирует всестороннее владение биоинформатическим инструментарием. Все задания модулей выполнены полностью и в срок. Скрипты (bash, при необходимости Python/R) написаны грамотно, комментированы, воспроизводимы. Промежуточные файлы (FASTQ после тримминга, BAM, VCF) созданы корректно. Студент способен обосновать выбор параметров тримминга	33–40

Показатель	Баллы
и фильтрации вариантов, предложить альтернативные инструменты. Демонстрирует понимание биологического смысла каждого этапа.	
Хорошо (базовый уровень). Студент показывает хорошее владение инструментарием. Задания выполнены полностью, но имеются незначительные недочёты (например, отсутствуют отдельные комментарии к коду, не все логи сохранены, один из модулей выполнен не в полном объёме). Основные результаты получены, интерпретация в целом верна, но недостаточно детальна. Студент отвечает на вопросы по ходу работы, но некоторые тонкие моменты требуют уточнений.	25–32
Удовлетворительно (пороговый уровень). Студент владеет базовыми навыками, но допускает ошибки. Задания выполнены частично (не менее 60% требуемых этапов). Код содержит погрешности (неоптимальные команды, отсутствие фильтрации). Результаты получены, но их интерпретация поверхностна или содержит неточности. Студент может объяснить основные этапы анализа, но слабо аргументирует выбор параметров.	17–24
Неудовлетворительно (низкий уровень). Студент демонстрирует существенные пробелы. Задания выполнены менее чем на 60% либо с грубыми ошибками (неправильное картирование, некорректный вариант-коллинг). Код неработоспособен или отсутствует. Студент не может объяснить свои действия, путает инструменты и форматы данных.	9–16
Крайне неудовлетворительно (отсутствие работы). Задания не выполнены. Код не предоставлен. Студент не владеет даже минимальными навыками работы с биоинформатическими программами.	0–8

6.4.2. Шкала оценивания дневника и итогового отчёта – 30 баллов

Показатель	Баллы
Отлично (высокий уровень). Дневник заполнен ежедневно, указаны все виды работ и часы, есть подпись руководителя, приведены содержательные комментарии о трудностях и их преодолении. Отчёт оформлен в формате Jupyter Notebook/R Markdown, полностью воспроизводим. Присутствуют все разделы (введение, методы, результаты по модулям, обсуждение, выводы). Код хорошо комментирован, визуализация (скриншоты IGV, графики FastQC, таблицы) наглядны и подписаны. Выводы обоснованы, дана биологическая интерпретация обнаруженных вариантов. Стиль изложения научный, грамотный.	25–30
Хорошо (базовый уровень). Дневник заполнен полностью, но есть мелкие пропуски (не все часы указаны). Отчёт полный, но имеются небольшие недостатки: отсутствуют отдельные комментарии к коду, не все графики подписаны, выводы неполны или недостаточно детализированы. Воспроизводимость обеспечена (код работает).	19–24

Показатель	Баллы
Удовлетворительно (пороговый уровень). Дневник заполнен небрежно, отсутствуют указания часов. Отчёт неструктурирован, отсутствуют некоторые разделы (например, обсуждение). Код не документирован, визуализация минимальна. Выводы поверхностны, биологическая интерпретация отсутствует или ошибочна.	13–18
Неудовлетворительно (низкий уровень). Дневник не предоставлен или не заполнен. Отчёт содержит грубые ошибки, не соответствует теме. Код отсутствует или неработоспособен.	7–12
Крайне неудовлетворительно (отсутствие работы). Отчёт и дневник не предоставлены.	0–6

6.4.3. Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики – 30 баллов

Показатель	Баллы
Отлично (высокий уровень). Презентация (3–5 слайдов) логична, наглядна, содержит схему пайплайна, ключевые цифры (количество ридов, процент картирования, число вариантов до и после фильтрации), пример интересного варианта с аннотацией. Доклад укладывается в регламент (5–7 мин), речь уверенная, грамотная. Студент свободно отвечает на все вопросы (технические и биологические), даёт аргументированные ответы, демонстрирует понимание допущений и ограничений использованных методов, способен предложить альтернативные подходы.	25–30
Хорошо (базовый уровень). Презентация и доклад в целом хорошие, но есть мелкие недостатки: не все слайды подписаны, нечётко сформулирован вывод. На вопросы отвечает, но иногда требуется уточнение; демонстрирует понимание основных этапов, но не может глубоко объяснить отдельные нюансы (например, выбор порога фильтрации).	19–24
Удовлетворительно (пороговый уровень). Презентация слабая (мало информации, неструктурирована, отсутствует схема пайплайна). Доклад сбивчивый, не укладывается в регламент. На вопросы отвечает только на самые простые (например, что такое FASTQ), допускает ошибки в терминологии. Не может объяснить, почему были выбраны те или иные параметры.	13–18
Неудовлетворительно (низкий уровень). Презентация отсутствует или не относится к теме. Доклад не состоялся. Студент не может ответить ни на один вопрос по существу, путает базовые понятия.	7–12
Крайне неудовлетворительно (отсутствие защиты). Студент не явился на защиту или отказался от доклада.	0–6

6.4.4. Итоговая шкала выставления оценки по практике

Общая сумма баллов = баллы за практические задания (0–40) + баллы за дневник и отчёт (0–30) + баллы за защиту (0–30).

Суммарные баллы	Оценка
81–100	отлично
61–80	хорошо
41–60	удовлетворительно
0–40	неудовлетворительно

Примечание: При сумме баллов менее 41 студент не получает зачёт, практика считается не пройденной. При этом если студент не был допущен к защите из-за низких баллов за практические задания (менее 17), то итоговая оценка автоматически выставляется «неудовлетворительно» без проведения защиты.

7. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРАКТИКИ

7.1. Основная литература

1. Wang, X. Next-Generation Sequencing Data Analysis / Xinkun Wang. — 2nd ed. — Boca Raton : CRC Press, 2024. — 434 p. — ISBN 978-0-367-34989-9. — Текст : электронный // Oxford Academic [сайт]. — URL: <https://academic.oup.com> (дата обращения: 01.06.2026).
2. Singh, D. B., Tripathi, T. Genome Analysis: Principles and Methods / edited by Dev Bukhsh Singh, Timir Tripathi. — 1st ed. — Amsterdam : Elsevier, 2025. — 550 p. — ISBN 978-0-443-21980-1. — Текст : электронный // Elsevier [сайт]. — URL: <https://shop.elsevier.com/books/genome-analysis/singh/978-0-443-21980-1> (дата обращения: 01.06.2026).
3. Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для академического бакалавриата / В. Е. Стефанов, Г. Р. Мавропуло-Столяренко, А. А. Тулуб. — Москва : Юрайт, 2025. — 249 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-20194-9. — Текст : электронный // ЭБС Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/book/bioinformatika-557766> (дата обращения: 01.06.2026).

7.2. Дополнительная литература

1. Singh, G. B. Fundamentals of Bioinformatics and Computational Biology: Methods and Exercises in MATLAB / Gautam B. Singh. — 2nd ed. — Cham : Springer, 2025. — 498 p. — (Modeling and Optimization in Science and Technologies). — ISBN 978-3-031-75693-1. — Текст : электронный // Springer [сайт]. — URL: <https://link.springer.com/book/9783031756931> (дата обращения: 01.06.2026).
2. Sung, W.-K. Algorithms in Bioinformatics: A Practical Introduction / Wing-Kin Sung. — Boca Raton : CRC Press, 2025. — 400 p. — ISBN 978-1-4822-4981-1. — Текст : электронный // Bookshop.org [сайт]. — URL: <https://bookshop.org/p/books/algorithms-in-bioinformatics-a-practical-introduction-wing-kin-sung/12775923> (дата обращения: 01.06.2026).
3. Гельфанд, М. С. Биоинформатика : учебник для вузов / под редакцией М. С. Гельфанда. — 2-е изд., перераб. и доп. — Москва : Юрайт, 2025. — 450 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-16487-9. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/book/bioinformatika-557766> (дата обращения: 01.06.2026).

7.3. Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

Профессиональные базы данных и инструменты

1. NCBI (National Center for Biotechnology Information) — GenBank, SRA, dbSNP, PubMed, BLAST. — URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
2. EMBL-EBI (European Bioinformatics Institute) — ENA, ArrayExpress, InterPro. — URL: <https://www.ebi.ac.uk>
3. Ensembl Genome Browser — геномные аннотации, сравнительная геномика. — URL: <https://www.ensembl.org>
4. UCSC Genome Browser — визуализация геномов, аннотации, ENCODE. — URL: <https://genome.ucsc.edu>
5. Galaxy Platform — веб-платформа для построения воспроизводимых биоинформатических конвейеров. — URL: <https://galaxyproject.org>
6. SRA Toolkit Documentation — официальная документация по набору инструментов SRA Toolkit для загрузки данных из NCBI SRA. — URL: <https://github.com/ncbi/sra-tools>
7. IGV (Integrative Genomics Viewer) — инструмент визуализации выравниваний. — URL: <https://igv.org>

Обучающие и справочные ресурсы

8. Bioinformatics Stack Exchange — сайт вопросов и ответов по биоинформатике. — URL: <https://bioinformatics.stackexchange.com>
9. Biostars — форум по биоинформатике, вычислительной геномике и анализу биологических данных. — URL: <https://www.biostars.org>

10. Conda Documentation — официальная документация по менеджеру пакетов и окружений Conda. — URL: <https://docs.conda.io>
11. GitHub — платформа для размещения репозитория с биоинформатическими скриптами и пайплайнами. — URL: <https://github.com>
12. Биоинформатический портал (bioinf.me) — образовательные материалы, курсы и датасеты на русском языке. — URL: <https://bioinf.me>

8. ПЕРЕЧЕНЬ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ, ИСПОЛЬЗУЕМЫХ ПРИ ПРОВЕДЕНИИ ПРАКТИКИ, ВКЛЮЧАЯ ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)

8.1. Лицензионное программное обеспечение

Microsoft Windows 10/11 (или более поздние версии) – операционная система для рабочих станций в компьютерном классе (лицензия образовательного учреждения).

Microsoft Office (Word, Excel, PowerPoint) – для оформления текстовых документов и презентаций.

Kaspersky Endpoint Security для рабочих станций – антивирусная защита (лицензия образовательного учреждения).

8.2. Свободно распространяемое программное обеспечение (в том числе отечественного производства)

Системное и сетевое ПО

Ubuntu Linux (версия 22.04 LTS или 24.04 LTS) – операционная система для биоинформатического анализа; может использоваться как основная, в виртуальной машине или через WSL.

Windows Subsystem for Linux (WSL) версии 2 – встроенный компонент Windows для запуска Linux-окружения.

Miniconda3 (Conda) – менеджер пакетов и виртуальных окружений, необходимый для установки биоинформатических инструментов.

Git – система контроля версий для отслеживания изменений скриптов и отчётов.

GitHub Desktop – графический клиент для работы с репозиториями GitHub.

7-Zip – архиватор для сжатия результатов.

Браузеры и офисные приложения

Google Chrome или Mozilla Firefox – для доступа к веб-интерфейсам баз данных и документации.

LibreOffice (альтернатива Microsoft Office) – может использоваться при отсутствии лицензионного пакета.

Инструменты контроля качества и препроцессинга

FastQC (версия 0.12+) – оценка качества данных секвенирования.

MultiQC (версия 1.25+) – агрегация отчётов FastQC для множества образцов.

Trimmomatic (версия 0.39+) – тримминг адаптеров и низкокачественных участков прочтений.

cutadapt (версия 4.9+) – альтернативный инструмент для удаления адаптеров.

Инструменты выравнивания и работы с выравниваниями

BWA (версия 0.7.18+) – картирование коротких прочтений на референсный геном.

Bowtie2 (версия 2.5+) – быстрое и чувствительное выравнивание прочтений.

SAMtools (версия 1.20+) – работа с форматами SAM/BAM (сортировка, индексация, фильтрация, расчёт статистик).

IGV (Integrative Genomics Viewer) (версия 2.18+) – визуализация выравниваний и вариантов.

Инструменты вариантного анализа и аннотации

BCFtools (версия 1.20+) – вариант-коллинг, фильтрация VCF, манипуляции с вариантами.

SnpEff (версия 5.3+) – аннотация генетических вариантов (функциональный эффект).

Среды воспроизводимых отчётов и программирования

Jupyter Notebook / JupyterLab (версия 7.x+) – создание воспроизводимых отчётов с кодом на Python.

R (версия 4.4+) – среда статистических вычислений (для альтернативного оформления отчётов и базового анализа).

RStudio Desktop (версия 2024.x+) – интегрированная среда разработки для R.

Отечественное программное обеспечение

Биоинформатический портал (bioinf.me) – российский образовательный ресурс с курсами, датасетами и справочной информацией (доступен онлайн, не требует установки).

8.3. Информационные справочные системы

Система «КонсультантПлюс» – правовая информация (доступ через локальную сеть университета).

Biostars – профессиональный форум и справочная система по биоинформатике (свободный доступ: <https://www.biostars.org>).

Bioinformatics Stack Exchange – справочная система «вопрос-ответ» по биоинформатике (свободный доступ: <https://bioinformatics.stackexchange.com>).

8.4. Профессиональные базы данных

NCBI (National Center for Biotechnology Information) – GenBank, SRA (Sequence Read Archive), dbSNP, PubMed, BLAST (свободный доступ: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

EMBL-EBI (European Bioinformatics Institute) – European Nucleotide Archive (ENA), Ensembl, InterPro (свободный доступ: <https://www.ebi.ac.uk>).

Ensembl Genome Browser – геномные аннотации, сравнительная геномика (свободный доступ: <https://www.ensembl.org>).

UCSC Genome Browser – визуализация геномов, аннотации, ENCODE (свободный доступ: <https://genome.ucsc.edu>).

Galaxy Platform – облачная платформа для воспроизводимых пайплайнов, содержит готовые базы данных (свободный доступ: <https://usegalaxy.org>).

fgosvo.ru – портал Федеральных государственных образовательных стандартов.

pravo.gov.ru – официальный интернет-портал правовой информации.

www.edu.ru – федеральный портал «Российское образование».

8.5. Требования к обеспечению учебного процесса программным обеспечением

Для успешного прохождения практики каждый студент должен иметь доступ к рабочей станции (компьютеру) с операционной системой (рекомендуется Ubuntu Linux 22.04 LTS или новее, либо Windows 10/11 с WSL2). Все биоинформатические инструменты устанавливаются через менеджер пакетов Conda (Miniconda3) в виртуальное окружение. Преподаватель предоставляет файл окружения (environment.yml), содержащий все необходимые пакеты с фиксированными версиями, что обеспечивает воспроизводимость.

При необходимости удалённого доступа к вычислительным ресурсам (серверу) используется SSH-клиент (например, встроенный терминал Linux/WSL или PuTTY).

9. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРАКТИКИ

Для проведения учебной практики (ознакомительной) требуется материально-техническое обеспечение, включающее учебные аудитории, компьютерные классы с соответствующим программным обеспечением, доступ к вычислительным ресурсам и специализированным базам данных, а также вспомогательное оборудование для проведения установочных лекций и защиты отчётов.

9.1. Учебные аудитории для проведения лекционных и групповых занятий

Вид занятий	Требования к помещению	Оборудование
Установочная лекция (2 часа)	Аудитория для лекционных занятий, вместимостью не менее 25–30 посадочных мест (в соответствии с численностью учебной группы). Освещение естественное и искусственное, возможность затемнения для работы проектора.	– Мультимедийный проектор (разрешение не менее Full HD) с потолочным креплением или на передвижной тележке. – Настенный экран (размер не менее 2×1,5 м). – Стационарный компьютер преподавателя с подключением к локальной сети и сети «Интернет» (проводное соединение, скорость не менее 100 Мбит/с). – Акустическая система (колонки) для демонстрации видео-инструкций. – Классная доска (меловая или маркерная) с набором маркеров/мела. – Трибуна или преподавательский стол.
Групповые консультации (2 часа в сумме)	Аудитория для практических занятий или переговорная, рассчитанная на 15–20 человек, с возможностью рассадки студентов за компьютерами или вокруг общего стола.	– Персональные компьютеры для студентов (не менее 15 единиц) или возможность подключения ноутбуков к розеткам и локальной сети. – Рабочее место преподавателя с компьютером и проектором (для демонстрации кода, пояснения сложных моментов). – Доска (флипчарт или магнитная) для записи ключевых команд.

9.2. Компьютерный класс (лаборатория) для выполнения практических заданий

Основной объём практической работы студенты выполняют в компьютерном классе, оснащённом стационарными компьютерами или с использованием собственных ноутбуков с доступом в сеть и возможностью установки необходимого ПО.

Общие требования:

- **Количество рабочих мест** – не менее 15, чтобы обеспечить одновременную работу всей подгруппы.
- **Площадь помещения** – из расчёта не менее 2,5 м² на одно рабочее место (согласно санитарным нормам).
- **Электроснабжение** – стабильное, с защитой от скачков напряжения; достаточное количество розеток (не менее двух на рабочее место) для подключения компьютеров и периферии.

- **Сеть** – проводной доступ в локальную сеть университета и в Интернет (скорость не менее 100 Мбит/с на каждое рабочее место, а лучше 1 Гбит/с для работы с большими геномными файлами). Беспроводной доступ (Wi-Fi) – как резервный или для мобильных устройств.
- **Вентиляция и климат** – наличие системы кондиционирования или эффективной приточной вентиляции, так как компьютеры выделяют много тепла, а работа студентов может длиться несколько часов подряд.

Технические характеристики рабочих станций (рекомендуемые):

Компонент	Минимальные требования	Рекомендуемые характеристики
Процессор	Intel Core i5 / AMD Ryzen 5 (4 ядра, 2,5 ГГц)	Intel Core i7 / AMD Ryzen 7 (6 ядер, 3,0 ГГц)
Оперативная память (RAM)	8 ГБ	16 ГБ и более (для работы с большими BAM/VCF файлами)
Жёсткий диск	SSD 256 ГБ (системный + для временных файлов)	SSD 512 ГБ + дополнительный HDD для хранения датасетов
Операционная система	Ubuntu Linux 22.04/24.04 или Windows 10/11 с WSL2	Ubuntu Linux 24.04 LTS (предпочтительно)
Монитор	21,5", разрешение 1920×1080	24", 1920×1080, матовое покрытие для длительной работы
Клавиатура и мышь	Стандартные (проводные)	Эргономичные, проводные (для исключения задержек)
Сетевой интерфейс	Гигабитный Ethernet (1000BASE-T)	Гигабитный Ethernet

Серверная инфраструктура (опционально, но желательно):

Для работы с большими объёмами данных (десятки гигабайт FASTQ-файлов) целесообразно использовать выделенный сервер или кластер. Если в компьютерном классе такие ресурсы отсутствуют, допускается использование удалённого сервера (аренда облачного сервера или внутренний сервер кафедры) с доступом по SSH.

- **Серверные характеристики:** минимум 8 ядер (Intel Xeon или AMD EPYC), 32 ГБ RAM (лучше 64–128 ГБ), дисковое пространство не менее 2 ТБ (SSD или NVMe для быстрого ввода-вывода), подключение к сети 1 Гбит/с.
- **Доступ:** студенты подключаются через терминал (SSH) со своих рабочих станций. На сервере предустановлены все необходимые биоинформатические пакеты, а также система контроля версий Git.

9.3. Перечень оборудования и расходных материалов для камеральной работы (при очном проведении в лаборатории)

- Шкафы для хранения учебных пособий и методических материалов.
- Принтер (лазерный, чёрно-белый или цветной) для распечатки дневников и отчётов (по требованию студента).
- Сканер для оцифровки заполненных дневников (если требуется бумажная версия).
- Набор канцелярских принадлежностей (бумага, папки, скоросшиватели) для оформления отчётной документации.

9.4. Программное обеспечение и вычислительные ресурсы

На всех рабочих станциях должно быть установлено свободно распространяемое программное обеспечение, перечисленное в разделе 8.2.

- Доступ к сети Интернет должен обеспечивать неограниченную загрузку данных из NCBI SRA, ENA, Ensembl и других ресурсов (без блокировки протоколов FTP/HTTPS).
- Для студентов, использующих Windows, должна быть предустановлена и настроена подсистема WSL2 с дистрибутивом Ubuntu (или предоставлена подробная инструкция по установке).
- Рекомендуется создание общего сетевого диска (NAS) или облачного хранилища (например, Nextcloud университета), куда студенты могут сдавать промежуточные результаты (BAM, VCF) и итоговые отчёты.

9.5. Доступ к электронной информационно-образовательной среде (ЭИОС) университета

Студенты должны иметь возможность работать в ЭИОС Государственного университета просвещения, где размещаются:

- Рабочая программа практики (настоящий документ).
- Методические указания по выполнению заданий.
- Шаблоны дневника и отчёта.
- Видеозаписи установочной лекции и консультаций (при дистанционной поддержке).
- Ссылки на дополнительные ресурсы и литературу.
- Форум или чат для вопросов преподавателю.

Доступ в ЭИОС должен быть обеспечен как из компьютерного класса, так и удалённо (через личные устройства студентов) на весь период практики.

9.6. Требования к технике безопасности и санитарные нормы

- Помещения должны соответствовать санитарно-эпидемиологическим требованиям к условиям труда пользователей вычислительной техники (СанПиН 1.2.3685-21).
- Уровень шума в компьютерном классе не должен превышать 50 дБА.
- Рабочие места должны быть оборудованы регулируемые по высоте стульями с подлокотниками и спинкой.
- Расстояние от глаз до монитора – не менее 50 см.
- На каждом рабочем месте должна быть инструкция по технике безопасности и пожарной безопасности при работе с компьютерной техникой.
- Первичные средства пожаротушения (огнетушители) – не менее двух на помещение.
- Аварийное освещение и эвакуационные выходы – в соответствии с нормами.

МИНИСТЕРСТВО ПРОСВЕЩЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ»
(ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ)

(наименование факультета)

(наименование кафедры)

ДНЕВНИК ОБУЧАЮЩЕГОСЯ ПО ПРАКТИКЕ

Обучающийся: _____
Наименование практики: _____
Направление подготовки: _____
Профиль/программа подготовки: _____
Курс: _____
Группа: _____
Форма обучения: _____
Профильная организация: _____
Сроки практики: _____

Руководитель практики от Университета _____
(ФИО)

Кафедра _____
Телефон: _____
e-mail: _____

ОТМЕТКА ОРГАНИЗАЦИИ (ПРЕДПРИЯТИЯ)

Прибыл в организацию « ____ » _____ 202__ г.
Выбыл из организации « ____ » _____ 202__ г.
М.П.

Руководитель организации _____
(подпись) (ФИО)

Дата	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу	Продолжительность в <u>днях</u> /часах
Итого:		

Руководитель практики от Университета _____
(подпись) _____
(ФИО)

МИНИСТЕРСТВО ПРОСВЕЩЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ»
(ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ)

(

(наименование факультета)

(наименование кафедры)

ОТЧЕТ О ПРОХОЖДЕНИИ ПРАКТИКИ ОБУЧАЮЩЕГОСЯ

Обучающийся: _____
Наименование практики: _____
Направление подготовки: _____
Профиль/программа подготовки: _____
Курс: _____
Группа: _____
Форма обучения: _____

Профильная организация: _____
Сроки практики: _____

Отчет о прохождении _____ практики
(вид практики)
сдан « ____ » _____ 20__ г

Оценка за практику** _____

Руководитель практики**
от профильной организации _____
(подпись) (ФИО)

Оценка за практику _____ баллы _____

Руководитель практики
от Университета _____
(подпись) (ФИО)

г. Москва
20__

Краткое содержание практики (проблемы и задачи, выбранные практикантом способы их решения, полученные результаты, их оценка и самооценка):

Индивидуальное задание практиканта:

Проблемы и задачи, выбранные практикантом, способы их решения, полученные результаты, их оценки и самооценки:

Обучающийся: _____ (ФИО) _____ (подпись)

Руководитель
практики от Университета _____ / _____
(подпись) (ФИО, должность)