

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Наумова Наталья Александровна
Должность: Ректор
Дата подписания: 26.08.2026 17:46:07
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

Производственная практика (практика по профилю профессиональной деятельности)

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. № 8
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 производственной практики (практика по профилю профессиональной деятельности) 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.

Производственная практика (практика по профилю профессиональной деятельности) входит в часть, формируемую участниками образовательных отношений Блока 2 «Практика».

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	11
5. ФОРМЫ ОТЧЕТНОСТИ ПО ПРАКТИКЕ	17
5.1. Дневник практики	17
5.2. Итоговый отчёт о прохождении практики	17
5.3. Презентация для защиты.....	18
5.4. Дополнительные материалы (по запросу руководителя)	18
5.5. Сроки сдачи	18
5.6. Процедура защиты	19
6. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ: МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)	20
6.1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы	20
6.2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания.....	21
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.	26
6.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций.....	28
7. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРАКТИКИ	32
8. ПЕРЕЧЕНЬ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ, ИСПОЛЬЗУЕМЫХ ПРИ ПРОВЕДЕНИИ ПРАКТИКИ, ВКЛЮЧАЯ ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)	
34	
8.1. Лицензионное программное обеспечение	34
8.2. Свободно распространяемое программное обеспечение (в том числе отечественного производства)	34
8.3. Информационные справочные системы.....	35
8.4. Профессиональные базы данных.....	35
8.5. Требования к обеспечению учебного процесса программным обеспечением	35
9. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРАКТИКИ	36
9.1. Учебные аудитории для проведения лекционных и групповых занятий.....	36
9.2. Компьютерный класс (лаборатория) для выполнения практических заданий	36

9.3. Перечень оборудования и расходных материалов для камеральной работы (при очном проведении в лаборатории)	37
9.4. Программное обеспечение и вычислительные ресурсы	37
9.5. Доступ к электронной информационно-образовательной среде (ЭИОС) университета	38
9.6. Требования к технике безопасности и санитарные нормы.....	38

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

Вид практики – производственная практика.

Тип практики – практика по профилю профессиональной деятельности.

Способ проведения – стационарная (допускается выездной характер при наличии договоров с профильными организациями – научно-исследовательскими институтами, биотехнологическими компаниями, центрами экологического мониторинга).

Форма проведения – непрерывно

Место проведения – компьютерные лаборатории факультета естественных наук Государственного университета просвещения, вычислительные кластеры университета, а также удалённый доступ к облачным ресурсам; при наличии договоров – лаборатории профильных организаций.

Объем практики:

Показатель	Часы
Общая трудоёмкость	288 часа (8 з.е.)
Контактная работа с преподавателем (всего)	4,2
Самостоятельная работа (практическая подготовка)	276
Контроль (подготовка отчёта, дневника, презентации)	7,8

Форма промежуточной аттестации – зачёт с оценкой (в 3 семестре 2 курса).

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

2.1. Цель и задачи практики

Цель практики – формирование у магистрантов способности к самостоятельной научно-производственной деятельности в области биоинформатики, включая разработку и реализацию вычислительных пайплайнов, проведение полного цикла анализа данных (от сырых прочтений до биологической интерпретации), а также оформление результатов в формате, приближенном к научной публикации или производственному отчёту.

Задачи практики:

- 1. Освоение методологии научно-производственного проекта**
 - Формулировка цели и задач исследования на основе анализа литературы.
 - Планирование этапов работы, распределение времени, постановка измеримых результатов (продукта).
 - Ведение дневника проекта, фиксация промежуточных результатов и трудностей.
- 2. Выполнение самостоятельного вычислительного эксперимента**
 - Выбор подходящего датасета (RNA-seq, DNA-seq или метагеномные данные из открытых архивов).
 - Реализация пайплайна обработки данных: контроль качества (FastQC, MultiQC), тримминг (Trimmomatic/cutadapt), картирование (STAR/HISAT2 для RNA-seq, BWA для DNA-seq), подсчёт экспрессии (featureCounts/Salmon).
 - Применение статистических методов для выявления дифференциальной экспрессии (DESeq2 – на уровне использования готового пакета без углублённого изучения теории).
 - Визуализация результатов (MA-plot, volcano plot, тепловые карты).
- 3. Интерпретация и оформление результатов в виде научного продукта**
 - Анализ полученных данных в биологическом контексте (например, выявление генов, связанных с адаптацией к стрессу).
 - Оформление результатов в формате, имитирующем научную статью (структура: введение, методы, результаты, обсуждение, выводы).
 - Подготовка воспроизводимого кода (скрипты на R, bash, Snakemake) и размещение его в публичном репозитории (GitHub).
 - Публичная защита проекта (презентация, доклад, ответы на вопросы).
- 4. Формирование профессиональных компетенций**
 - Развитие навыков самостоятельной организации работы и самооценки (УК-6).
 - Овладение методами организации научного исследования (СПК-1).
 - Приобретение опыта экспертно-аналитической работы (СПК-4).
 - Углубление навыков математического моделирования и решения задач (СПК-3).
 - Практическое использование биоинформатических программ, включая элементы эпигенетического анализа (СПК-2).

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
УК-6	Способен определять и реализовывать приоритеты собственной деятельности и способы ее совершенствования на основе самооценки.
СПК-1	Способен самостоятельно или в качестве члена (руководителя) малого коллектива организовывать и проводить научные исследования и их апробацию.

Код компетенции	Содержание компетенции
СПК-4	Способен проводить экспертно-аналитическую работу при проведении научных исследований и экспериментальных работ.
СПК-3	Способен ставить, формализовывать и решать задачи, в том числе разрабатывать и исследовать математические модели изучаемых явлений и процессов, системно анализировать научные проблемы, получать новые научные результаты.
СПК-2	Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных.

Планируемые результаты обучения (знания, умения, навыки), соотнесённые с компетенциями

Компетенция	Знать	Уметь	Владеть
УК-6 (самоорганизация и самооценка)	– методы планирования научно-исследовательской работы; – критерии оценки эффективности собственной деятельности; – способы рефлексии и коррекции планов.	– составлять реалистичный план-график выполнения проекта; – анализировать промежуточные результаты и корректировать дальнейшие шаги; – объективно оценивать степень достижения поставленных целей.	– навыками тайм-менеджмента при выполнении вычислительного проекта; – способностью к самоанализу и формулированию выводов о приобретённых компетенциях.
СПК-1 (организация и проведение научных исследований)	– этапы научного исследования (от обзора литературы до апробации); – принципы планирования эксперимента и выбора методов; – требования к оформлению научных публикаций и отчётов.	– формулировать научную гипотезу и задачи исследования; – подбирать релевантные данные и инструменты; – готовить научный отчёт или статью по результатам работы.	– навыками работы с научной литературой (PubMed, Google Scholar); – опытом публичной апробации результатов (доклад, презентация).
СПК-4 (экспертно-	– методы критического анализа данных (выбросы,	– проверять качество исходных	– навыками подготовки аналитических

Компетенция	Знать	Уметь	Владеть
аналитическая работа)	артефакты, воспроизводимость); – принципы валидации результатов вычислительного эксперимента; – стандарты представления аналитических выводов.	данных (FastQC, MultiQC); – выявлять и корректно обрабатывать аномалии; – формулировать обоснованные заключения по результатам анализа.	записок и разделов «Результаты» и «Обсуждение» в научном стиле; – способностью аргументированно защищать полученные выводы.
СПК-3 (математическое моделирование и решение задач)	– основы статистического анализа для RNA-seq/DNA-seq (понятие p-value, FDR, нормализация); – принцип работы DESeq2 (на уровне «чёрного ящика»: вход – count-матрица, выход – список дифференциально экспрессированных генов); – основные методы визуализации (MA-plot, volcano plot).	– запускать стандартный пайплайн для RNA-seq (STAR → featureCounts → DESeq2); – интерпретировать выходные таблицы DESeq2 (log2 fold change, p-value, padj); – строить графики для визуализации результатов.	– навыками работы в R с пакетом DESeq2 (по готовым виньеткам); – способностью формализовать биологическую задачу и выбирать адекватные вычислительные методы.
СПК-2 (программы для эпигенетического анализа и качества данных)	– метрики качества NGS-данных (GC-состав, перепредставленность адаптеров, качество по позициям); – форматы FASTQ, SAM/BAM, VCF; – базовые принципы работы программ контроля качества (FastQC, MultiQC).	– запускать FastQC и MultiQC для любых FASTQ-файлов; – интерпретировать отчёты и выявлять проблемы; – при необходимости (если данные эпигенетические) выполнять тримминг и базовую фильтрацию.	– навыками оценки качества данных перед запуском основного пайплайна; – умением документировать шаги контроля качества в отчёте.

3. МЕСТО ПРАКТИКИ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Производственная практика (практика по профилю профессиональной деятельности) относится к части, формируемой участниками образовательных отношений 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 и прохождения предшествующих практик:

Предшествующие дисциплины / практики	Формируемые элементы (знания, умения)
Биоинформатика (работа в базах данных) (Б1.О.05)	– навыки поиска и загрузки данных из NCBI SRA, ENA, GenBank; – понимание форматов FASTQ, SAM/BAM, VCF; – первичные навыки работы в командной строке Linux.
Современные компьютерные технологии в науке (Б1.О.02)	– уверенное владение операционной системой (Windows/Linux); – умение устанавливать программное обеспечение, работать с файловыми системами.
Биоинформационные подходы в геномике (Б1.О.09)	– теоретические основы NGS-анализа (выравнивание, поиск вариантов, контроль качества); – знание алгоритмов BWA, bcftools, SnpEff; – понимание принципов обработки геномных данных.
Основы математической статистики эколого-генетических систем на языке R (Б1.В.07) – изучается в 4 семестре, но основы R могут быть освоены ранее самостоятельно или в рамках других дисциплин	– базовые навыки работы в R: импорт данных, построение графиков, выполнение статистических тестов.
Учебная практика (ознакомительная) (Б2.О.01(У)) – 1 семестр	– практический опыт обработки сырых FASTQ-данных (контроль качества, тримминг, картирование, вариант-коллинг); – навыки оформления отчётности.
Учебная практика (практика по направлению профессиональной деятельности) (Б2.О.02(У)) – 2 семестр	– опыт работы с экологическими и ГИС-данными; – знакомство с профессиональной средой; – навыки статистического моделирования (линейная регрессия, ANOVA).

Предшествующие дисциплины / практики	Формируемые элементы (знания, умения)
Производственная практика (научно-исследовательская работа) (Б2.В.03(Н)) – распределена по 1-3 семестрам (выполняется параллельно или предшествует частично)	– навыки планирования и проведения НИР; – подготовка обзора литературы; – первичные навыки работы с научными статьями.

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

- **Производственной практики (преддипломной) (Б2.В.02(Пд))** – 4 семестр, где студенты завершают оформление магистерской диссертации, а результаты, полученные в ходе научно-производственного проекта, могут быть использованы как глава или раздел ВКР.
- **Выполнения магистерской диссертации** – аналитическая и экспериментальная часть ВКР базируется на результатах, полученных в ходе данной практики (например, разработанный пайплайн, выявленные дифференциально экспрессированные гены, созданный репозиторий кода).
- **Подготовки научных публикаций** – итоги практики могут быть оформлены в виде статьи или тезисов конференции, что является обязательным элементом научно-исследовательской деятельности магистранта.

Таким образом, практика занимает ключевое место в профессиональной подготовке магистранта, обеспечивая **выполнение самостоятельного научно-производственного проекта**, который имитирует реальную научную или производственную задачу и даёт готовый «продукт» (воспроизводимый пайплайн, набор данных, аналитический отчёт в формате статьи, репозиторий с кодом).

4. СОДЕРЖАНИЕ ПРАКТИКИ

4.1 Структура и трудоёмкость этапов

№ п/п	Разделы (этапы) практики	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
1	Подготовительный этап. Выбор темы и планирование проекта	Установочная лекция: цели, задачи, структура практики, требования к отчётности (статья, код на GitHub, презентация). Инструктаж по технике безопасности и этике работы с геномными данными. Выбор индивидуальной темы научно-производственного проекта (по согласованию с руководителем). Анализ литературы (PubMed, Google Scholar) по выбранной теме. Формулировка цели, задач и гипотезы исследования. Составление плана-графика выполнения проекта. Выбор публичного датасета (RNA-seq, DNA-seq или метагеномные данные) из открытых архивов (NCBI SRA, ENA).	2 (контакт: лекция) + 30 (СРС: обзор литературы, поиск данных, составление плана)	Дневник (план-график). Список литературы. Обоснование выбора темы и данных.
2	Основной этап. Модуль 1. Разработка и реализация пайплайна обработки данных	Установка и настройка программного обеспечения (Conda, FastQC, Trimmomatic/cutadapt, STAR/HISAT2 для RNA-seq или BWA для DNA-seq, SAMtools, featureCounts, R с пакетом DESeq2). Загрузка сырых FASTQ-файлов (prefetch, fastq-dump). Контроль качества (FastQC, MultiQC).	80 (СРС)	Отчёт по модулю 1: скриншоты терминала, логи выполнения, команды, краткое описание пайплайна.

№ п/п	Разделы (этапы) практики	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
		Тримминг адаптеров и низкокачественных концов (Trimmomatic/cutadapt). Повторный контроль качества. Построение индекса референсного генома (STAR или BWA). Картирование ридов на референс. Конвертация SAM в BAM, сортировка, индексация (SAMtools). Подсчёт количества ридов на гены (featureCounts). Ведение логов и фиксация всех команд.		
3	Основной этап. Модуль 2. Статистический анализ и визуализация результатов	Импорт count-матрицы в R. Предварительная фильтрация генов с низкой экспрессией. Запуск DESeq2 (сравнение групп, например, «контроль vs обработка» или «здоровые vs больные»). Получение списка дифференциально экспрессированных генов (DEG). Интерпретация результатов: log2 fold change, p-value, скорректированный p-value (padj). Построение визуализаций: MA-plot, volcano plot, тепловая карта (heatmap) топ-50 DEG. Выполнение функциональной аннотации (при возможности – GO-обогащение с помощью clusterProfiler или онлайн-сервисов). Формулировка	80 (CPC)	Отчёт по модулю 2: код на R, графики, таблицы DEG, краткая интерпретация.

№ п/п	Разделы (этапы) практики	Виды работ на практике, включая самостоятельную работу и практическую подготовку	Трудоёмкость (часы)	Формы отчётности
		биологических выводов (например, какие пути активируются/подавляются).		
4	Основной этап. Модуль 3. Оформление результатов в виде научного продукта	Подготовка итогового отчёта в формате, имитирующем научную статью (структура: введение, методы, результаты, обсуждение, выводы, список литературы). Оформление воспроизводимого кода: создание репозитория на GitHub, размещение всех скриптов (bash, R) и README-файла с инструкцией по запуску. Подготовка презентации (8-10 слайдов) для защиты проекта.	86 (СРС)	Черновик статьи/отчёта (текст). Репозиторий GitHub (ссылка). Презентация.
5	Заключительный этап. Защита проекта	Доработка отчёта и презентации по замечаниям руководителя. Сдача дневника практики (с подписью руководителя). Защита практики перед комиссией: доклад (7-10 минут), демонстрация презентации, ответы на вопросы по методологии, результатам и коду.	6 (СРС: доработка) + 2 (контакт: защита)	Дневник, итоговый отчёт (в формате научной статьи), ссылка на GitHub, презентация. Зачёт с оценкой.
Итого:		288		

4.2 Содержание производственной практики (практики по направлению профессиональной деятельности) по разделам
Подготовительный этап. Выбор темы и планирование проекта
Задачи этапа:

- Ознакомление с программой практики, требованиями к итоговому продукту (научный отчёт/статья, код на GitHub, презентация).
- Проведение инструктажа по технике безопасности, этике работы с геномными данными, правилам цитирования и недопущения плагиата.
- Выбор индивидуальной темы научно-производственного проекта (по согласованию с руководителем). Примерные темы:
 - «Анализ дифференциальной экспрессии генов при ответе растений на засуху (RNA-seq)»;
 - «Сравнение транскриптомных профилей контрольной и обработанной групп клеток»;
 - «Поиск вариантов (SNP/Indel) в геномах бактерий, выделенных из разных экологических ниш»;
 - «Таксономическое профилирование метагеномов почвы по данным 16S рРНК».
- Поиск и анализ литературы по выбранной теме (PubMed, Google Scholar, eLibrary).
- Формулировка цели, задач и рабочей гипотезы исследования.
- Составление план-графика выполнения проекта с указанием ключевых этапов и сроков.
- Выбор публичного датасета (RNA-seq, DNA-seq или метагеномные данные) из открытых архивов NCBI SRA/ENA.

Деятельность студентов:

- Изучение методических материалов, прослушивание установочной лекции.
- Работа с научными базами данных, составление списка литературы (не менее 15 источников).
- Согласование темы и датасета с руководителем.
- Заполнение дневника практики (раздел «Календарный план»).

Результат:

- Сформулированная цель и задачи проекта.
- План-график выполнения работ.
- Список литературы по теме.
- Выбранный датасет (идентификаторы SRA).

Основной этап. Модуль 1. Разработка и реализация пайплайна обработки данных

Цель модуля – создать воспроизводимый вычислительный пайплайн для обработки сырых данных секвенирования и получить count-матрицу (для RNA-seq) или BAM/VCF-файлы (для DNA-seq).

Деятельность студентов:

- 1. Подготовка вычислительной среды**
 - Установка Miniconda3, создание виртуального окружения для проекта.
 - Установка необходимых пакетов: FastQC, MultiQC, Trimmomatic/cutadapt, STAR/HISAT2 (для RNA-seq) или BWA (для DNA-seq), SAMtools, featureCounts, R с пакетами DESeq2, ggplot2, pheatmap.
 - (Опционально) Настройка пайплайна с использованием Snakemake или Nextflow.
- 2. Загрузка данных**
 - Использование SRA Toolkit: prefetch и fastq-dump для получения FASTQ-файлов (парно-концевых или одно-концевых).
 - Проверка целостности загруженных файлов (контрольные суммы, количество ридов).
- 3. Контроль качества и препроцессинг**
 - Запуск FastQC для всех FASTQ-файлов, анализ отчётов (GC-состав, адаптеры, качество по позициям).
 - Генерация сводного отчёта MultiQC.
 - Тримминг адаптеров и низкокачественных участков (Trimmomatic или cutadapt).
 - Повторный FastQC/MultiQC для триммированных данных.
- 4. Картирование на референсный геном**
 - Загрузка референсного генома в формате FASTA (из Ensembl, NCBI RefSeq).
 - Построение индекса (STAR для RNA-seq или BWA для DNA-seq).
 - Выравнивание ридов, конвертация SAM в BAM, сортировка, индексация (SAMtools).
 - Оценка статистик картирования (samtools flagstat, samtools stats).
- 5. Подсчёт экспрессии (для RNA-seq)**

- Использование featureCounts (или HTSeq-count) для подсчёта числа ридов, попадающих на экзоны генов.
- Получение count-матрицы (строки – гены, столбцы – образцы).
- Сохранение результатов в CSV-файл для дальнейшего анализа в R.

6. Документирование

- Фиксация всех выполненных команд в дневнике или отдельном лог-файле.
- Написание bash-скрипта (или Snakemake-правила) для автоматизации пайплайна.

Инструменты: prefetch, fastq-dump, FastQC, MultiQC, Trimmomatic/cutadapt, STAR/HISAT2/BWA, SAMtools, featureCounts.

Результат модуля:

- Отчищенные FASTQ-файлы.
- Отсортированные и индексированные BAM-файлы.
- Count-матрица (для RNA-seq) или VCF-файл (для DNA-seq).
- Логи и скрипты.

Основной этап. Модуль 2. Статистический анализ и визуализация результатов

Цель модуля – выявить статистически значимые изменения (дифференциальную экспрессию, варианты) и интерпретировать их в биологическом контексте.

Деятельность студентов:

1. Подготовка данных в R

- Импорт count-матрицы в R.
- Создание таблицы метаданных (группы образцов: контроль, лечение и т.п.).
- Фильтрация генов с низким суммарным счётом (например, удаление генов с суммой <10 во всех образцах).

2. Анализ дифференциальной экспрессии с помощью DESeq2

- Создание объекта DESeqDataSet, выполнение нормализации.
- Запуск DESeq-анализа.
- Извлечение таблицы результатов (results): log2 fold change, p-value, padj.
- Определение пороговой значимости (например, $|\log_2FC| > 1$ и $padj < 0.05$).

3. Визуализация

- Построение MA-plot (зависимость log2FC от среднего count).
- Построение volcano plot (log2FC против $-\log_{10}(pvalue)$).
- Тепловая карта (heatmap) для топ-50 дифференциально экспрессированных генов (с использованием pheatmap).
- (Опционально) PCA-график для оценки разделения групп.

4. Функциональная аннотация

- Загрузка аннотаций генов (из пакетов OrgDb или из GTF-файла).
- (При наличии времени) GO-обогащение с помощью clusterProfiler или онлайн-сервиса DAVID.
- Выделение биологических процессов и путей, в которых участвуют обнаруженные гены.

5. Формулировка выводов

- Какой ген/какие гены наиболее сильно изменили экспрессию?
- Как эти изменения могут влиять на биологический процесс (адаптация, стресс, заболевание)?
- Соответствуют ли полученные результаты литературным данным?

Инструменты: R, пакеты DESeq2, ggplot2, pheatmap, clusterProfiler (опционально).

Результат модуля:

- Таблица дифференциально экспрессированных генов (CSV).
- Набор графиков (MA-plot, volcano plot, heatmap).
- Текст интерпретации результатов (2-3 страницы).

Основной этап. Модуль 3. Оформление результатов в виде научного продукта

Цель модуля – подготовить итоговый отчёт в формате научной статьи, создать репозиторий с кодом и презентацию для защиты.

Деятельность студентов:

1. Написание научного отчёта/статьи

- Структура:
 - **Введение** – обоснование актуальности, обзор литературы, цель и задачи.
 - **Материалы и методы** – описание данных, референсного генома, использованного ПО (с версиями), параметров пайплайна, статистических методов.
 - **Результаты** – таблицы, графики, описание ключевых находок.
 - **Обсуждение** – интерпретация результатов, сравнение с литературой, ограничения исследования.
 - **Выводы** – краткое резюме основных результатов.
 - **Список литературы** – не менее 15 источников.
- Оформление в формате .docx, .pdf или (желательно) в R Markdown с интеграцией кода.

2. **Создание репозитория на GitHub**

- Регистрация/логин на GitHub.
- Создание публичного репозитория с названием по теме проекта.
- Загрузка всех скриптов (bash, R, Snakemake) с комментариями.
- Написание README-файла: описание проекта, инструкция по установке, запуску, структура данных.
- При необходимости добавление небольшого тестового датасета.

3. **Подготовка презентации**

- 8-10 слайдов:
 1. Титул (тема, ФИО, руководитель).
 2. Актуальность и цель.
 3. Схема пайплайна.
 4. Ключевые результаты (таблица DEG, volcano plot).
 5. Функциональная аннотация (GO-обогащение, топ-пути).
 6. Обсуждение и выводы.
 7. GitHub-репозиторий (ссылка).
 8. Спасибо за внимание.
- Стиль – научный, минимум текста, максимум иллюстраций.

Инструменты: текстовый редактор, R Markdown, GitHub Desktop, PowerPoint/Google Slides.

Результат модуля:

- Полноценный отчёт (в стиле научной статьи).
- Публичный репозиторий с кодом.
- Готовая презентация.

Заключительный этап. Защита проекта

Задачи этапа:

- Доработка отчёта и презентации по замечаниям руководителя.
- Сдача дневника практики (с подписью руководителя).
- Публичная защита проекта перед комиссией.

Деятельность студентов:

- Финальное редактирование текста отчёта.
- Проверка работоспособности кода (повторный запуск на тестовых данных).
- Загрузка финальной версии репозитория.
- Выступление с докладом (7-10 минут) с демонстрацией презентации.
- Ответы на вопросы комиссии (по методологии, результатам, коду, возможным улучшениям).

Результат:

- Дневник, подписанный руководителем.
- Итоговый отчёт (электронный).
- Ссылка на GitHub-репозиторий.
- Презентация.
- Зачёт с оценкой 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, темы научно-производственного проекта.
- **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 (например, ошибки при установке ПО, проблемы с памятью при картировании, неоднозначная интерпретация статистических результатов).
- **Промежуточные результаты** (скриншоты, логи, ссылки на коммиты в GitHub).
- **Итоговое заключение** студента о прохождении практики: какие навыки приобретены, насколько успешно выполнен проект, достигнуты ли поставленные цели, какие компетенции сформированы.

Дневник подписывается студентом и руководителем практики.

5.2. Итоговый отчёт о прохождении практики

Итоговый отчёт представляется в электронной форме в виде **рукописи научной статьи** или **развёрнутого отчёта**, оформленного по стандартам научных публикаций. Предпочтительный формат – **R Markdown (.Rmd)** или **LaTeX (.tex)** с экспортом в PDF. Допускается также оформление в текстовом редакторе (Word) с обязательным приложением всех скриптов и логов.

Структура отчёта (в соответствии с форматом научной статьи):

1. **Титульный лист** – по образцу университета с указанием темы проекта, ФИО студента, научного руководителя, места и года выполнения.
2. **Введение** (1–2 страницы):
 - Обоснование актуальности темы (почему исследование важно для биоинформатики, экологии или биотехнологии).
 - Краткий обзор литературы (не менее 5–7 источников).
 - Цель и задачи исследования.
 - Рабочая гипотеза (если применимо).
3. **Материалы и методы** (2–3 страницы):
 - Описание использованных данных (источник: NCBI SRA, идентификаторы проектов/образцов, тип секвенирования, количество ридов, референсный геном).
 - Вычислительная инфраструктура (ОС, сервер, объём ОЗУ, процессор).
 - Программное обеспечение: версии всех инструментов (FastQC, Trimmomatic, STAR, featureCounts, R, DESeq2 и др.), способ установки (Conda, Docker).
 - Подробное описание пайплайна (можно в виде блок-схемы).
 - Статистические методы (критерии фильтрации, пороги значимости, поправка на множественное тестирование).
 - Ссылка на репозиторий GitHub с полным кодом.
4. **Результаты** (2–4 страницы):
 - Результаты контроля качества (таблица метрик до и после тримминга, скриншоты MultiQC).
 - Статистики картирования (процент выравненных ридов, уникальность).
 - Таблица дифференциально экспрессированных генов (топ-20 или все значимые).
 - Визуализации: MA-plot, volcano plot, тепловая карта (heatmap), PCA (при необходимости).

- Результаты функциональной аннотации (GO-обогащение, KEGG-пути) – если выполнено.
- Все рисунки и таблицы должны иметь подписи и номера.
- 5. **Обсуждение** (1–2 страницы):
 - Интерпретация ключевых результатов (какие гены/пути изменились, как это связано с биологическим процессом).
 - Сравнение с литературными данными (подтверждают или противоречат?).
 - Ограничения исследования (мало повторностей, нет валидации ПЦР, возможные артефакты).
 - Практическая значимость (как результаты можно применить в экологическом мониторинге, медицине, биотехнологии).
- 6. **Выводы** (0,5 страницы):
 - Чёткие, нумерованные выводы, соответствующие поставленным задачам.
- 7. **Список литературы** – не менее 15 источников, оформленных по ГОСТ Р 7.0.100-2018.
- 8. **Приложения** (по желанию):
 - Полные логи работы программ.
 - Скриншоты IGV (при визуализации выравниваний).
 - Таблицы всех DEG (могут быть в отдельном файле Excel).

Отчёт должен быть полностью воспроизводимым: при наличии исходных данных и кода из репозитория можно получить все приведённые результаты.

5.3. Презентация для защиты

Презентация (8–10 слайдов) готовится в формате PowerPoint, Google Slides, PDF или аналогичном и включает:

- **Слайд 1:** Название проекта, ФИО студента, руководитель, организация.
- **Слайд 2:** Актуальность, цель и задачи исследования.
- **Слайд 3:** Схема пайплайна обработки данных (блок-схема с указанием инструментов и форматов).
- **Слайд 4:** Контроль качества: ключевые метрики (сравнение до/после тримминга).
- **Слайд 5:** Основные результаты (таблица топ-5 DEG, volcano plot, тепловая карта).
- **Слайд 6:** Функциональная аннотация (GO-обогащение, KEGG-пути) – если выполнено.
- **Слайд 7:** Обсуждение и выводы.
- **Слайд 8:** Ссылка на GitHub-репозиторий и демонстрация структуры кода.
- **Слайд 9 (при необходимости):** Благодарности, вопросы.

Презентация должна быть наглядной, текст минимален, графики и схемы читаемы.

5.4. Дополнительные материалы (по запросу руководителя)

- Ссылка на **GitHub/GitLab-репозиторий**, содержащий:
 - все скрипты (bash, R, Snakemake/Nextflow);
 - файл README.md с инструкцией по установке и запуску;
 - файл environment.yml для воссоздания Conda-окружения;
 - пример выходных данных (count-матрица, таблица DEG, графики).
- Отдельные файлы: финальные BAM-файлы (можно ссылкой на облачное хранилище), count-матрица в CSV, таблица DEG в Excel.
- Видеозапись защиты (при дистанционной защите).

5.5. Сроки сдачи

- Дневник и отчёт предоставляются руководителю **не позднее, чем за 5 календарных дней** до даты защиты (с учётом большего объёма работы по сравнению с учебными практиками).
- Презентация сдаётся **не позднее, чем за 2 дня** до защиты.
- Ссылка на GitHub-репозиторий должна быть предоставлена **не позднее, чем за 3 дня** до защиты.

5.6. Процедура защиты

Защита практики проводится перед комиссией (руководитель практики, научный руководитель (если отличается), другие преподаватели кафедры, возможно, представитель профильной организации) в формате:

- **Доклад студента** (7–10 минут) с демонстрацией презентации. В докладе следует отразить:
 - актуальность и цель проекта;
 - использованные данные и методы;
 - ключевые результаты (графики, таблицы);
 - выводы и практическую значимость;
 - ссылку на репозиторий и демонстрацию основных скриптов.
- **Вопросы комиссии** по:
 - выбору методов и параметров (почему именно STAR, а не HISAT2; почему порог $\log_2FC = 1$);
 - воспроизводимости и технической реализации (как запустить пайплайн на других данных);
 - биологической интерпретации результатов (например, почему ген X интересен);
 - ограничениям и возможным улучшениям;
 - перспективам использования результатов в профессиональной деятельности.

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
УК-6	Способен определять и реализовывать приоритеты собственной деятельности и способы ее совершенствования на основе самооценки.	1. Подготовительный этап – выбор темы, планирование работы, самооценка реалистичности плана. 2. Основной этап, модуль 1 – самостоятельная реализация пайплайна, корректировка плана при возникновении трудностей. 3. Основной этап, модуль 2 – самоанализ результатов, оценка качества работы. 4. Основной этап, модуль 3 – оформление статьи и репозитория, самопроверка полноты. 5. Заключительный этап – самооценка достижений, рефлексия на защите.
СПК-1	Способен самостоятельно или в качестве члена (руководителя) малого коллектива организовывать и проводить научные исследования и их апробацию.	1. Подготовительный этап – постановка цели, задач, гипотезы, планирование исследования. 2. Основной этап, модуль 1 – разработка и реализация пайплайна (самостоятельное выполнение). 3. Основной этап, модуль 2 – проведение статистического анализа и интерпретация. 4. Основной этап, модуль 3 – подготовка научного отчёта/статьи. 5. Заключительный этап – апробация результатов на защите.
СПК-4	Способен проводить экспертно-аналитическую работу при проведении научных исследований и экспериментальных работ.	1. Основной этап, модуль 1 – контроль качества данных (FastQC, MultiQC), выявление артефактов. 2. Основной этап, модуль 2 – критическая оценка результатов DESeq2 (анализ выбросов, диагностика). 3. Основной этап, модуль 3 – подготовка обсуждения, формулировка аналитических выводов. 4. Заключительный этап – защита экспертного заключения перед комиссией.
СПК-3	Способен ставить, формализовывать и	1. Подготовительный этап – формализация биологической задачи в

Код компетенции	Содержание компетенции	Этапы формирования
	решать задачи, в том числе разрабатывать и исследовать математические модели изучаемых явлений и процессов, системно анализировать научные проблемы, получать новые научные результаты.	вычислительную (какие данные, какие методы). 2. Основной этап, модуль 1 – реализация пайплайна, решение задачи обработки данных. 3. Основной этап, модуль 2 – применение статистической модели DESeq2, интерпретация результатов как нового научного знания. 4. Основной этап, модуль 3 – анализ полученных результатов в системном контексте. 5. Заключительный этап – представление решения задачи на защите.
СПК-2	Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных.	1. Основной этап, модуль 1 – использование программ контроля качества (FastQC, MultiQC) для любых NGS-данных (в т.ч. потенциально эпигенетических). 2. Основной этап, модуль 1 – тримминг и фильтрация данных (Trimmomatic/cutadapt). 3. Основной этап, модуль 2 – при наличии эпигенетических данных – ознакомление с принципами пик-коллинга (лекционный материал, демонстрация). 4. Заключительный этап – демонстрация понимания метрик качества на защите (FRiP, NSC – на уровне определений).

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

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей (знать, уметь, владеть)	Критерии оценивания	Шкала оценивания
УК-6 (самоорганизация и самооценка)	Пороговый	1. Подготовительный этап – планирование. 2. Основной этап,	Знать: – методы планирования научной работы; – критерии оценки собственной	Соблюдение календарного плана (не более 20% просрочки), полнота дневника.	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей (знать, уметь, владеть)	Критерии оценивания	Шкала оценивания
		модуль 1 – выполнение пайплайна.	эффективности. Уметь: – составлять план-график; – придерживаться сроков; – фиксировать промежуточные результаты. Владеть: – базовыми навыками тайм-менеджмента.		
УК-6	Продвинутый	3. Основной этап, модуль 2 – анализ результатов. 4. Основной этап, модуль 3 – оформление статьи. 5. Заключительный этап – защита.	Уметь: – корректировать план при возникновении трудностей; – объективно оценивать качество полученных результатов; – формулировать самооценку достижений. Владеть: – способностью к рефлексии и самоанализу.	Самостоятельность в принятии решений, аргументированная самооценка в отчёте и на защите.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики.
СПК-1 (организация и проведение научных исследований)	Пороговый	1. Подготовительный этап – обзор литературы, постановка цели и задач. 2. Основной этап, модуль 1 –	Знать: – структуру научного исследования; – основные методы биоинформатического анализа. Уметь: – формулирова	Корректность выбора темы, методов, датасета. Выполнение пайплайна (модуль 1) не менее чем на 60%.	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей (знать, уметь, владеть)	Критерии оценивания	Шкала оценивания
		реализация пайплайна.	ть гипотезу; – подбирать методы и данные; – выполнять обработку данных по стандартному протоколу. Владеть: – навыками работы с литературой (PubMed).		
СПК-1	Продвинутый	3. Основной этап, модуль 2 – статистический анализ. 4. Основной этап, модуль 3 – оформление научного отчёта/статьи. 5. Заключительный этап – защита.	Уметь: – самостоятельно интерпретировать результаты; – готовить научную публикацию (отчёт); – апробировать результаты (доклад). Владеть: – опытом организации полного цикла исследования.	Качество научного отчёта (логика, полнота, стиль), успешная защита.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчёта Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики.
СПК-4 (экспертно-аналитическая работа)	Пороговый	2. Основной этап, модуль 1 – контроль качества данных. 3. Основной этап, модуль 2 – первичный анализ результатов.	Знать: – метрики качества NGS-данных; – принципы выявления артефактов. Уметь: – запускать FastQC, MultiQC; – интерпретировать отчёты; – выполнять	Правильность выполнения шагов контроля качества, обоснованность решений по фильтрации.	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей (знать, уметь, владеть)	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			тримминг. Владеть: – навыками критической оценки исходных данных.		
СПК-4	Продвинутый	4. Основной этап, модуль 2 – интерпретация DEG. 5. Основной этап, модуль 3 – написание обсуждения. 6. Заключительный этап – защита.	Уметь: – критически анализировать полученные DEG (ложные срабатывания), биологическая правдоподобность); – формулировать экспертные заключения; – аргументированно отстаивать выводы. Владеть: – навыками аналитической работы.	Глубина анализа в разделе «Обсуждение», убедительность ответов на защите.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики
СПК-3 (математическое моделирование и решение задач)	Пороговый	1. Подготовительный этап – формализация задачи. 2. Основной этап, модуль 1 – реализация пайплайна.	Знать: – основы статистического анализа (p-value, FDR); – принцип работы DESeq2 на уровне «чёрного ящика». Уметь: – перевести биологическую задачу в вычислительную; – запустить	Корректность выполнения модуля 2 (DESeq2), получение таблицы DEG.	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей (знать, уметь, владеть)	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			DESeq2 по готовой виньетке. Владеть: – базовыми навыками работы в R.		
СПК-3	Продвинутый	3. Основной этап, модуль 2 – интерпретация модели. 4. Основной этап, модуль 3 – обсуждение. 5. Заключительный этап – защита.	Уметь: – интерпретировать log2 fold change и padj; – выявлять биологически значимые гены; – предлагать модификации модели (например, учёт дополнительных факторов). Владеть: – навыками системного анализа полученных результатов.	Качество интерпретации в отчёте, обоснованность выводов, ответы на вопросы о модели.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета Шкала оценивания защиты доклада по итогам практики
СПК-2 (программы для эпигенетического анализа и качества данных)	Пороговый	2. Основной этап, модуль 1 – контроль качества (FastQC, MultiQC).	Знать: – метрики качества FASTQ; – форматы данных. Уметь: – запускать FastQC и MultiQC; – интерпретировать отчёты. Владеть: – навыками оценки качества любых NGS-данных (в т.ч.	Качество выполнения контроля качества, полнота отчётов FastQC/MultiQC.	Шкала оценивания практических заданий (модулей).

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей (знать, уметь, владеть)	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			эпигенетических).		
СПК-2	Продвинутый	3. Основной этап, модуль 2 – анализ (при наличии эпигенетических данных в теме проекта). 4. Заключительный этап – защита.	Уметь: – объяснить, как контролировать качество специфических эпигенетических экспериментов (FRiP, NSC); – применить базовый пик-коллинг (MACS2) в случае эпигенетического датасета. Владеть: – пониманием ограничений и артефактов эпигенетических данных.	Упоминание в отчёте (если применимо) или ответы на вопросы о качестве эпигенетических данных на защите.	Шкала оценивания практических заданий (модулей). Шкала оценивания дневника и отчета Шкала 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. Разработка и реализация пайплайна обработки данных

Задание:

Выберите публичный RNA-seq датасет из NCBI SRA (например, проект GSE123456, образцы: контроль – 3 реплики, обработка – 3 реплики). Выполните:

1. Загрузку FASTQ-файлов с помощью SRA Toolkit (prefetch, fastq-dump).
2. Контроль качества исходных прочтений (FastQC, MultiQC). Сохраните отчёты.
3. Тримминг адаптеров и низкокачественных концов (Trimmomatic или cutadapt). Обоснуйте выбранные параметры (например, LEADING:3 TRAILING:3 SLIDINGWINDOW:4:15 MINLEN:36).
4. Повторный контроль качества после тримминга.
5. Построение индекса референсного генома (STAR) для выбранного организма (например, *Homo sapiens* GRCh38 или *Arabidopsis thaliana*).
6. Картирование ридов на референс с помощью STAR. Конвертацию SAM в BAM, сортировку, индексацию (SAMtools).
7. Оценку статистик картирования (samtools flagstat, samtools stats).

8. Подсчёт количества ридов на гены с помощью featureCounts (используя GTF-аннотацию).
9. Сохранение count-матрицы в CSV-файл.

Критерии выполнения:

- Все команды выполнены, лог-файлы сохранены.
- Отчёты FastQC/MultiQC (до и после тримминга) предоставлены.
- Процент выравненных ридов > 70% (разумный для RNA-seq).
- Count-матрица получена, имеет размерность (гены × образцы).
- Код (bash-скрипт или Snakemake) воспроизводим и задокументирован.

Модуль 2. Статистический анализ и визуализация результатов

Задание:

Используя count-матрицу, полученную в модуле 1, и таблицу метаданных (файл metadata.csv с колонками sample, condition), выполните в R:

1. Импорт count-матрицы и метаданных, создание объекта DESeqDataSet.
2. Предварительную фильтрацию генов (удаление генов с суммой <10 во всех образцах).
3. Запуск DESeq-анализа (DESeq()).
4. Извлечение результатов (results()) с контрастом condition_treated_vs_control.
5. Формирование итоговой таблицы дифференциально экспрессированных генов (DEG) с фильтрацией по $|\log_2\text{FoldChange}| > 1$ и $\text{padj} < 0.05$.
6. Построение следующих графиков:
 - MA-plot (с выделением значимых генов).
 - Volcano plot ($\log_2\text{FC}$ против $-\log_{10}(\text{padj})$).
 - Тепловая карта (heatmap) для топ-50 DEG (с использованием pheatmap).
7. Сохранение таблицы DEG в CSV и графиков в PNG/PDF.

Критерии выполнения:

- R-скрипт работает без ошибок, код комментирован.
- Таблица DEG получена, содержит не менее 10 значимых генов (при разумных данных).
- Все три графика построены корректно, оси подписаны, легенды присутствуют.
- Краткая интерпретация результатов приведена в комментариях (например, «Ген X сильнее всего повышен в обработанной группе, $\log_2\text{FC} = \dots$ »).

Модуль 3. Оформление результатов в виде научного продукта

Задание:

На основе выполненного анализа подготовьте:

1. **Итоговый отчёт** в формате научной статьи (PDF или R Markdown), содержащий:
 - Введение (актуальность, обзор литературы, цель и задачи).
 - Материалы и методы (источник данных, инструменты с версиями, параметры, статистические методы).
 - Результаты (таблицы, графики, описание ключевых находок).
 - Обсуждение (интерпретация, сравнение с литературой, ограничения).
 - Выводы.
 - Список литературы (не менее 10 источников).
2. **Репозиторий на GitHub**, содержащий:
 - Все скрипты (bash, R) с комментариями.
 - README-файл с описанием проекта и инструкцией по запуску.
 - Файл environment.yml для воссоздания Conda-окружения (опционально).
 - Пример выходных данных (count-матрица, таблица DEG, графики).
3. **Презентацию** (8–10 слайдов) для защиты.

Критерии выполнения:

- Отчёт оформлен в соответствии со структурой научной статьи, стиль изложения научный.
- Все утверждения подтверждены данными (ссылки на таблицы, рисунки).
- Репозиторий публичный, README содержит чёткую инструкцию, скрипты работоспособны.

- Презентация лаконична, содержит все ключевые элементы (схема пайплайна, графики, выводы).

6.3.2. Примерные вопросы для оценки защиты доклада по итогам практики

Технические вопросы (проверка УК-6, СПК-1, СПК-2):

1. Почему вы выбрали именно этот датасет? Какие критерии использовали для его отбора?
2. С какими трудностями вы столкнулись при установке ПО или запуске пайплайна? Как их преодолели?
3. Почему для картирования RNA-seq вы выбрали STAR, а не HISAT2 или BWA?
4. Что такое «дубликаты» в BAM-файле и почему их удаляют (или не удаляют) в RNA-seq анализе?
5. Как вы проверяли нормализацию данных в DESeq2? Что делает функция `estimateSizeFactors()`?
6. Какие параметры в `featureCounts` вы использовали и почему (например, `-t exon`, `-g gene_id`)?
7. Как интерпретировать значение MAPQ в SAM-файле? Какой порог вы использовали при фильтрации BAM?
8. Какие метрики FastQC вы считаете наиболее критичными для RNA-seq данных?

Вопросы по статистике и интерпретации (проверка СПК-3, СПК-4):

1. Что означает $\log_2 \text{fold change} = 1,5$ для гена? Как это перевести в разницу в экспрессии в процентах?
2. Почему в DESeq2 используется отрицательное биномиальное распределение, а не нормальное?
3. Что такое поправка на множественное тестирование (`padj`)? Почему нельзя использовать $p\text{-value} < 0,05$ «как есть»?
4. В вашей модели были выбросы? Как DESeq2 обрабатывает их автоматически?
5. Какие гены оказались наиболее значимы? Есть ли среди них известные маркеры (по литературе)?
6. Как вы оценивали, не является ли значимое изменение экспрессии артефактом (например, низкое покрытие)?
7. Что можно сказать о биологическом процессе, в котором участвуют обнаруженные DEG? Проводили ли вы GO-обогащение?

Вопросы по научно-производственному продукту (проверка всех компетенций):

1. Какие практические рекомендации можно дать на основе ваших результатов? (например, для экологического мониторинга, биотехнологии).
2. Если бы вы продолжили этот проект, что бы вы сделали по-другому? Какие методы добавили?
3. Как можно проверить полученные результаты экспериментально (например, qPCR)?
4. Как ваш код может быть использован другим исследователем? Что нужно изменить, чтобы запустить его на другом датасете?
5. Какие навыки вы приобрели в ходе этой практики? Что оказалось самым полезным для вашей будущей профессии?

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 и фильтрации вариантов, предложить альтернативные инструменты. Демонстрирует понимание биологического смысла каждого этапа.	33–40
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. Стил 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
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

Показатель	Баллы
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)

Приложение № 2

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)