

Министерство науки и высшего образования РФ  
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение  
высшего образования  
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)**

ФТД..02 ИКТ в науке и образовании

---

наименование дисциплины (модуля) в соответствии с учебным планом

Направление подготовки / специальность

03.03.02 ФИЗИКА

---

Направленность (профиль)

03.03.02.07 Биохимическая физика

---

Форма обучения

очная

---

Год набора

2019

---

Красноярск 2022

## РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили \_\_\_\_\_

канд.биол.наук, Доцент, Суковатая И.Е.

\_\_\_\_\_  
должность, инициалы, фамилия

## 1 Цели и задачи изучения дисциплины

### 1.1 Цель преподавания дисциплины

Целью изучения дисциплины является подготовка специалистов, способных использовать информационно-коммуникационные технологии с позиций системного подхода на всех этапах научно-исследовательской и образовательной деятельности.

### 1.2 Задачи изучения дисциплины

По окончании изучения дисциплины бакалавр должен быть готов решать следующие профессиональные задачи:

- анализ получаемой полевой и лабораторной информации с использованием современной вычислительной техники;
- составление научных докладов и библиографических списков по заданной теме;
- участие в подготовке научных отчетов, обзоров, публикаций, патентов, организации конференций;
- работа со справочными системами, поиск и обработка научной информации, участие в подготовке и оформлении отчетов и патентов.

### 1.3 Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Запланированные результаты обучения по дисциплине
<b>ОПК-5: способностью использовать основные методы, способы и средства получения, хранения, переработки информации и навыки работы с компьютером как со средством управления информацией</b>	

### 1.4 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины: Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется с применением ЭО и ДОТ

URL-адрес и название электронного обучающего курса: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=23684> .

## 2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад. час)	е
		1
<b>Контактная работа с преподавателем:</b>	<b>1 (36)</b>	
практические занятия	1 (36)	
<b>Самостоятельная работа обучающихся:</b>	<b>1 (36)</b>	
курсовое проектирование (КП)	Нет	
курсовая работа (КР)	Нет	

### 3 Содержание дисциплины (модуля)

#### 3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

		Контактная работа, ак. час.							
№ п/п	Модули, темы (разделы) дисциплины	Занятия лекционного типа		Занятия семинарского типа				Самостоятельная работа, ак. час.	
				Семинары и/или Практические занятия		Лабораторные работы и/или Практикумы			
		Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС
<b>1. Поиск научной информации: современные инструменты, системы и сервисы</b>									
	1. Поисковая система PubMed – инструментарий для проведения поисковых запросов по текстовым БД медицинской и биологической/биофизической тематики. Доступ к системе. Отображение и фильтрация, сохранение результатов поиска. «Му NCBI» – инструмент управления траекторией исследований Организация семантического поиска с использованием современных средств обмена научной информацией на примере системы GoPubMed			12					
	2.							12	
<b>2. Интернет-пространство, как средство непрерывного получения знаний.</b>									

1. Lifelong Learning – обучение на протяжении всей жизни. Массивные открытые онлайн-курсы (Massive Open Online Courses (MOOC)), как основной инструмент обновления знаний Облачные сервисы			18					
2.							12	
<b>3. Презентация/представление результатов научного исследования</b>								
1. Презентационные материалы: цвет/контраст/текст/композиция/логика			6					
2.							12	
Всего			36				36	

## **4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины**

### **4.1 Печатные и электронные издания:**

1. Брыксина О.Ф., Пономарева Е.А. Информационно-коммуникационные технологии в образовании: учебник(Москва: ООО "Научно-издательский центр ИНФРА-М").

### **4.2 Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства (программное обеспечение, на которое университет имеет лицензию, а также свободно распространяемое программное обеспечение):**

1. Работа осуществляется при помощи широкого спектра лицензионных программных продуктов, закупленных по программе развития СФУ: Microsoft Office, Adobe Photoshop, CorelDRAW, Adobe Illustrator и др., а так же современных информационных технологий (электронные базы данных, Internet).

### **4.3 Интернет-ресурсы, включая профессиональные базы данных и информационные справочные системы:**

1. В рамках освоения дисциплины используется одна из крупнейших информационных систем в области биологии медицины, биофизики Национального центра биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information (NCBI)), США ([www.NCBI.nlm.nih.gov](http://www.NCBI.nlm.nih.gov)).
2. БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом. Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при прохождении практики и подготовке отчета.
3. БД Nucleotide (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide>) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.
4. БД Protein (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из GenBank, RefSeq и TPA, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
5. БД Structure (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml>) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.

6. БД Gene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. Gene-ID.
7. БД dbMHC (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init>) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные Major Histocompatibility Complex (МНС) для человека. БД dbMHC полностью интегрирована с другими ресурсами NCBI, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (IHWG).
8. DbSNP (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/>) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным путем.
9. БД Reference Sequence (RefSeq) (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/>), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.
10. БД Genomic Biology представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для Fruit fly, Human, Malaria parasite, Mouse, Rat, Retroviruses, Zebra fish и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.
11. В БД UniGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/>) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.
12. HomoloGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene>) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.
13. GenBank (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html>) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. GenBank автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.



14. Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в NCBI является поисковая система Search NCBI databases (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Она обеспечивает одновременный доступ как к нуклеотидным и белковым последовательностям (GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посредством использования стартовой страницы NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.

### **5 Фонд оценочных средств**

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

### **6 Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)**

Необходимое для реализации дисциплины «ИКТ в науке и образовании» материально-техническое обеспечение включает в себя:

- учебные аудитории, оборудованные аппаратно-программными комплексами «Малый презентационный комплекс», «Доска обратной проекции», «Средний презентационный комплекс»;
- компьютерный класс, укомплектованные современными компьютерами, классы на 15 рабочих мест с выходом в Интернет.