



СУЧАСНІ ДОСЯГНЕННЯ БІОІНЖЕНЕРІЇ ТА БІОІНФОРМАТИКИ
Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	<i>Третій (освітньо-науковий)</i>
Галузь знань	16 – Хімічна та біоінженерія
Спеціальність	162 Біотехнології та біоінженерія
Освітня програма	<i>Біотехнології</i>
Статус дисципліни	Нормативна
Форма навчання	Денна
Рік підготовки, семестр	2 курс, весняний семестр
Обсяг дисципліни	4 кредити (120 год.), в т.ч. лекцій – 18 год., практичних – 18 год., СРС – 84 год.
Семестровий контроль/ контрольні заходи	Іспит/МКР
Розклад занять	На сайтах http://roz.kpi.ua та https://schedule.kpi.ua
Мова викладання	Українська
Інформація про керівника курсу / викладачів	Лектор та викладач практичних занять: доктор технічних наук, професор Горобець Світлана Василівна, WhatsApp чат дисципліни
Розміщення курсу	<i>На платформі дистанційного навчання Google Клас за посиланням https://classroom.google.com/c/NDEyNTgzNTczMjUw?cjc=ujizvar, код класу <i>ujizvar</i>, постійне посилання на Google Meet https://meet.google.com/yiq-imwh-edf.</i>

Програма навчальної дисципліни

1. Опис навчальної дисципліни, її мета, предмет вивчення та результати навчання

Важливим завданням підготовки докторів філософії поряд з проведенням досліджень і написанням дисертації є підвищення інтелектуального потенціалу докторів філософії до рівня розуміння процесів утворення і розвитку нових напрямів і галузей науки і на їх основі – удосконалення існуючих, а також започаткування і розвиток нових виробництв. Навчальну дисципліну «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» призначено для набуття компетенцій, знань, умінь і досвіду щодо розуміння і прогнозування зазначених процесів у сучасній науці і в тому числі у царині біотехнології як науково-практичній діяльності.

Навчальна дисципліна «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» призначена для формування у аспірантів системи компетенцій, умінь та діяльностей з аналізу та прогнозування шляхів розвитку біотехнологічної галузі на основі застосування отриманих знань щодо молекулярних основ генної терапії та новітніх засобів та методів біоінформатики. Завданнями навчальної дисципліни є формування у аспірантів необхідних компетентностей, знань, навичок та вмінь для успішної постаспірантської діяльності.

Метою дисципліни є формування у аспірантів здатностей до:

- пошуку, аналізу та обробки інформації,
- роботи в міжнародному науковому просторі, проводити наукові дослідження на сучасному рівні,
- регенерувати нові ідеї для створення нових препаратів за застосування знань сучасного розвитку біоінформатики та біоінженерії,
- розробляти нові та вдосконалювати існуючі біотехнології на основі нових методів біоінженерії,

- критичного осмислення сучасних методів біоінженерії та біоінформатики для генерування нових гіпотез для адаптації нових методів в технологічні процеси,
- виконувати оригінальні дослідження у сфері біоінженерії для створення нових знань у біотехнологічній сфері,
- критично оцінювати отримані результати, приймати рішення та рекомендувати альтернативні стратегії вирішення проблем щодо створення та регулювання життєдіяльністю біологічних об'єктів, методів досліджень та технологій за їх участю.

Предметом дисципліни є закономірності процесів виникнення і подальшого розвитку теоретичних та експериментальних засад генної терапії, методів та підходів природничих та інженерних наук щодо їх застосувань у розробці лікарських препаратів для спадкових та набутих захворювань.

В результаті вивчення навчальної дисципліни «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» здобувачі вищої освіти набувають таких **програмних результатів**:

- Знання і розуміння проблемних питань сучасної біоінженерії (в тому числі і на межі предметних галузей (генотерапії)) для створення новітніх біотехнологій при розробці лікарських препаратів.
- Знання та використання сучасних генетичних підходів для вдосконалення біологічних агентів і регуляції біотехнологічних процесів.
- Знання сучасних методів ведення науково-дослідних робіт на рівні світових досягнень з біоінженерії та біоінформатики для отримання нових знань та здійснення інновацій, організації і планування експерименту, практик оприлюднення результатів.
- Застосовувати сучасні інструменти і технології пошуку, оброблення та аналізу інформації, зокрема, статистичні методи аналізу даних великого обсягу та/або складної структури, спеціалізовані бази даних та інформаційні системи.
- Планувати і виконувати експериментальні та теоретичні дослідження з використанням сучасних знань в галузі біоінформатики, біоінженерії та інструментальних методів, критично аналізувати результати досліджень.
- Розробляти та реалізовувати наукові та інноваційні проекти.
- Розробляти нові та вдосконалювати існуючі біотехнології на базі сучасних досягнень біоінформатики та біоінженерії.
- Вибирати найбільш ефективні методи біоінформатики для проведення наукових досліджень з генної терапії

Професійний біотехнолог наразі має знати та вміти використовувати сучасні мови програмування. Лідером серед таких мов є Python, особливо Biopython, що є колекцією некомерційних інструментів для обчислення в біології та біоінформатиці з відкритим кодом, створеною міжнародною асоціацією розробників. Biopython – це набір модулів Python, які надають функції для роботи з послідовностями ДНК, РНК і білкових послідовностей, такими як зворотна комплементация ланцюжка ДНК, пошук мотивів в білкових послідовностях тощо. Він надає безліч синтаксичних аналізаторів для читання всіх основних генетичних баз даних, таких як GenBank, SwissPort тощо, а також оболонки / інтерфейси для запуску інших популярних програм / інструментів біоінформатики, таких як NCBI BLASTN, Entrez тощо, в середовищі Python.

Основний досвід, який отримує аспірант по закінченню курсу – застосування набутих знань до аналізу новітніх засобів та методів біоінформатики в розробці лікарських препаратів та основ генотерапії, а також застосування набутих знань у процесі проведення досліджень, обговорення результатів і формуванні змісту дисертаційної роботи.

2. Пререквізити та постреквізити дисципліни (місце в структурно-логічній схемі навчання за відповідною освітньою програмою)

Місце в структурно-логічній схемі навчання забезпечується знаннями основ біоінформатики, прикладної біоінформатики, біохімії, молекулярної біотехнології, основ мови програмування Python. У структурно-логічній площині програми підготовки докторів філософії з біотехнології дисципліна базується на попередньо вивчених дисциплінах для докторів філософії, які створюють

фундамент для подальшої дослідницької і практичної діяльності випускників аспірантури як керівників вищого рівня.

Зміст навчальної дисципліни.

Тема 1. Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології та роботи з біоінформатичними базами даних.

Лекція 1. Сучасні мови програмування, об'єктно-орієнтований та процедурний підходи до програмування. Переваги використання мови Python при роботі з базами даних для біотехнологічних застосувань. Пакети Python для вирішення задач біотехнології та біоінформатики. Пакет pandas. Інтегральне середовище розробки (ICP), (Integrated development environment – IDE) Pycharm Community.

Лекція 2. Пакет matplotlib python для візуалізації та аналізу експериментальних даних в біотехнології, 3D графіки та діаграми.

Лекція 3. Пакет numpy та sklearn для задач регресійного аналізу. Приклади застосування засобів регресійного аналізу в пакеті sklearn.

Лекція 4. Огляд можливостей пакету Biopython. Робота з об'єктом SeqRecord. Попарне та множинне вирівнювання послідовностей в Biopython. Організація доступу до бази даних NCBI Entrez в пакеті Biopython. Огляд підходів машинного навчання та тенденцій у відкритті ліків.

Тема 2. Постгеномна ера в розвитку біоінженерії та біоінформатики. Таргетна терапія. Молекулярні основи генної терапії.

Лекція 5. Постгеномна ера в розвитку біоінформатики. Розвиток персоналізованої (прецизійної, індивідуалізованої) медицині. Переваги прецизійної медицини, генотипування. Види генетичних паспортів та генетичних тестів.

Лекція 6. Пошук мішеней для ліків. Біомаркери їх класифікація та роль в персоналізованій (прецизійній) медицині. Пакети scipy, sklearn, numpy для розв'язання задач кластеризації даних та інших задач молекулярної біотехнології та біоінформатики.

Лекція 7. Іонні канали, як мішені (біомаркери) для ліків. Новітні підходи до націлювання ліків на іонні канали з застосуванням штучних / біогенних магнітних наночастинок та магнітних полів. Пакет scipy для моделювання експресії генів, сигналів кальцію та інших задач молекулярної біотехнології та біоінформатики.

Лекція 8. Методи машинного навчання для відкриття ліків.

Лекція 9. Магнітогенетика: дистанційна активація клітинних функцій, нові методи терапії та діагностики в магнітних полях. Методи магнітокерованої доставки генів та ліків. Природне та штучне магнітомічення клітин бактерій для цільової доставки ліків.

Навчальні матеріали та ресурси

Базова література: [1-4]

Додаткова література: [5-20]

1. Горобець О.Ю., Горобець С.В., Хахно К.Ю. Мова python: для інженерних та наукових задач. Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2024. 277 р.
<https://ela.kpi.ua/items/29c3b487-d8b2-4fb1-b5b6-2c2332efa518>
2. Горобець С.В., Горобець О.Ю., Булаєвська М.О. Біоінформатичні бази даних [Електронний ресурс]: навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» - Електр. текстові дані (1 файл: 3,86 Мбайт). Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. 117 р.
<https://ela.kpi.ua/handle/123456789/36457>
3. Горобець С.В., Горобець О.Ю., Дем'яненко І.В. Біоінформатика. Практикум [Електронний ресурс]: навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» - Електр. текстові дані (1 файл 5.49 Мбайт). Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. 86 р.
<https://ela.kpi.ua/handle/123456789/38813>
4. Горобець С.В., Горбик П.П. Функціональні біо- та наноматеріали медичного призначення: монографія. Київ: Видавничий дім «Кондор», 2018. 480 р.
<http://www.materials.kiev.ua/science2.0/publications/edition.jsp?id=17&caller=edition>

5. Li H. et al. Applications of genome editing technology in the targeted therapy of human diseases: mechanisms, advances and prospects // *Signal Transduct. Target. Ther.* 2020. Vol. 5, № 1. P. 1. DOI: 10.1038/s41392-019-0089-y. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32296011/>
6. Shahryari A. et al. Development and Clinical Translation of Approved Gene Therapy Products for Genetic Disorders // *Front. Genet.* 2019. Vol. 10. DOI: 10.3389/fgene.2019.00868 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31608113/>
7. Valenzuela O. et al. Main findings and advances in bioinformatics and biomedical engineering-IWBBIO 2018. // *BMC Bioinformatics.* 2020. Vol. 21, № Suppl 7. P. 153. <https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-020-3467-0>
8. Visscher P.M. et al. 10 Years of GWAS Discovery: Biology, Function, and Translation // *American Journal of Human Genetics.* 2017. DOI:10.1016/j.ajhg.2017.06.005 https://www.researchgate.net/publication/318257175_10_Years_of_GWAS_Discovery_Biology_Function_and_Translation
9. Dunbar C.E. et al. Gene therapy comes of age // *Science.* 2018. DOI: 10.1126/science.aan4672 <https://www.science.org/doi/10.1126/science.aan4672>
10. Oriana Awwad, Mamoun Ahram, Francesca Coperchini, Mariam Abdel Jalil. Precision medicine: recent advances, current challenges and future perspectives// *Front Pharmacol.* 2024,15:1439276. doi: 10.3389/fphar.2024.1439276. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11190335/>
11. Kulkarni J.A. et al. The current landscape of nucleic acid therapeutics // *Nat. Nanotechnol.* 2021. Vol. 16, № 6. P. 630–643. DOI: 10.1038/s41565-021-00898-0. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34059811/>
12. Shangguan Z. A Review of Target Identification Strategies for Drug Discovery: from Database to Machine-Based Methods // *J. Phys. Conf. Ser.* 2021. Vol. 1893, № 1. P. 012013. DOI 10.1088/1742-6596/1893/1/012013. <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1742-6596/1893/1/012013/meta>
13. Dezső Z., Ceccarelli M. Machine learning prediction of oncology drug targets based on protein and network properties // *BMC Bioinformatics.* 2020. Vol. 21, № 1. P. 104. DOI: 10.1186/s12859-020-3442-9. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32171238/>
14. Gorobets O.Y. et al. Modulation of Calcium Signaling and Metabolic Pathways in Endothelial Cells with Magnetic Fields // *Nanoscale Adv.* 2024. DOI: 10.1039/d3na01065a. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38356636/>
15. Gorobets O. et al. Interaction of magnetic fields with biogenic magnetic nanoparticles on cell membranes: Physiological consequences for organisms in health and disease // *Bioelectro-chemistry.* 2023. Vol. 151. P. 108390. DOI: 10.1016/j.bioelechem.2023.108390. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36746089/>
16. A. Zeeshan et al. Artificial intelligence with multi-functional machine learning platform development for better healthcare and precision medicine // *Database (Oxford)*, 2020, p. 1-35
17. P. Carracedo-Reboredo et al. A review on machine learning approaches and trends in drug discovery // *Computational and structural biotechnology journal Review Volume 19*, p4538-4558 (2021) <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2021.08.011>
18. Marina V. Dziuba, Frank-Dietrich Müller, Mihály Pósfai & Dirk Schüler Exploring the host range for genetic transfer of magnetic organelle biosynthesis // *Nature nanotechnology volume 19*, pages115–123 (2024) Preprint: Marina V. Dziuba, Frank-Dietrich Müller, Mihály Pósfai & Dirk Schüler. Exploring the host range for genetic transfer of magnetic organelle biosynthesis 2023 DOI:10.1101/2023.01.31.526216
19. Gorobets S.V. et al. Biogenic magnetic nanoparticles in human organs and tissues // *Prog. Biophys. Mol. Biol.* 2018. Vol. 135. P. 49–57. doi.org/10.1016/j.pbiomolbio.2018.01.010. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0079610717301669>
20. Mikeshyna H.I. et al. Influence of Biogenic Magnetic Nanoparticles on the Vesicular Transport // *Acta Phys. Pol. A.* 2018. Vol. 133, № 3. P. 731–733. DOI:10.12693/APhysPolA.133.731. https://www.researchgate.net/publication/324092706_Influence_of_Biogenic_Magnetic_Nanoparticles_on_the_Vesicular_Transport
21. Gorobets S. et al. Gradient Magnetic Field Accelerates Division of *E. coli* Nissle 1917 // *Cells.* 2023. Vol. 12, № 2. P. 315. doi: 10.3390/cells12020315. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36672251/>
22. S. Gorobets, O. Gorobets, L. Kuzminykh Control of magnetic susceptibility of probiotic strain *Lactobacillus Rhamnosus* GG Nova *Biotechnologica et Chimica* 2023 Vol. 22, №1, e13846 p. 1-11.

doi.org/10.34135/nbc.1384. https://www.researchgate.net/publication/372569886_Control_of_magnetic_susceptibility_of_probiotic_strain_Lactobacillus_rhamnosus_GG

23. Del Sol-Fernández S, Martínez-Vicente P, Gomollón-Zueco P, Castro-Hinojosa C, Gutiérrez L, Fratila RM, et al. Magnetogenetics: remote activation of cellular functions triggered by magnetic switches. *Nanoscale*. 2022; 14:2091–118. doi: 10.1039/D1NR06303K

Інформаційні ресурси

1. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
2. <https://www.python.org/>
3. <https://matplotlib.org/>
4. www.numpy.org
5. <https://scikit-learn.org/stable/>
6. <http://biopython.org/DIST/docs/tutorial/Tutorial.html>
7. <https://docs.scipy.org/doc/scipy/>

Навчальний контент

3. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

№ з/п	Назва теми лекції та перелік основних питань (перелік дидактичних засобів, посилання на літературу та завдання на СРС)
<i>Тема 1. Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології та роботи з біоінформатичними базами даних.</i>	
	Лекція 1. Сучасні мови програмування, об'єктно-орієнтований та процедурний підходи до програмування. Переваги використання мови Python при роботі з базами даних для біотехнологічних застосувань. Пакети Python для вирішення задач біотехнології та біоінформатики. Пакет pandas. Інтегральне середовище розробки (ICP), (Integrated development environment – IDE) Pycharm Community. Література: базова [1], додаткова [2] [3] [4], інформаційні джерела: [1,2]
	Лекція 2. Пакет matplotlib python для візуалізації та аналізу експериментальних даних в біотехнології, 3D графіки та діаграми. Література: базова [1], інформаційні джерела: [3]
	Лекція 3. Пакети numpy та sklearn для задач регресійного аналізу. Приклади застосування засобів регресійного аналізу в пакеті sklearn. Література: базова [1], інформаційні джерела: [4,5]
	Лекція 4. Огляд можливостей пакету Biopython. Робота з об'єктом SeqRecord. Попарне та множинне вирівнювання послідовностей в Biopython. Організація доступу до бази даних NCBI Entrez в пакеті Biopython. Огляд підходів машинного навчання та тенденцій у відкритті ліків. Література: базова [1], інформаційні джерела: [6]
<i>Тема 2. Постгеномна ера в розвитку біоінженерії та біоінформатики. Таргетна терапія. Молекулярні основи генної терапії.</i>	
	Лекція 5. Постгеномна ера в розвитку біоінформатики. Розвиток персоналізованої (прецизійної, індивідуалізованої) медицині. Переваги прецизійної медицини, генотипування. Види генетичних паспортів та генетичних тестів. Література: базова: [4], додаткова: [5] [6] [7] [8] [9] [10].
	Лекція 6. Пошук мішеней для ліків. Біомаркери їх класифікація та роль в персоналізованій (прецизійній) медицині. Пакети scipy, sklearn, numpy для розв'язання задач кластеризації даних та інших задач молекулярної біотехнології та біоінформатики. Література: додаткова: [11][12]; інформаційні джерела: [4,5,7]
	Лекція 7. Іонні канали, як мішені (біомаркери) для ліків. Новітні підходи до націлювання ліків на іонні канали з застосуванням штучних/біогенних магнітних наночастинок та магнітних полів. Пакет scipy для моделювання експресії генів, сигналів кальцію та інших задач молекулярної біотехнології та біоінформатики.

	Література: додаткова: [13][14][15]; інформаційні джерела: [4,5,7]
	Лекція 8. Методи машинного навчання для відкриття ліків Література: додаткова: [16][17]; інформаційні джерела: [4,5,7]
	Лекція 9. Магнітогенетика: дистанційна активація клітинних функцій, нові методи терапії та діагностики в магнітних полях. Методи магнітокерованої доставки генів та ліків. Природне та штучне магнітомічення клітин бактерій для цільової доставки ліків. Література: базова: [4], додаткова: [18] [19] [20] [21] [22][23].

Практичні заняття

Основні завдання циклу практичних занять:

- робота з програмними пакетами, які використовуються в біотехнології;
- практична робота з сучасними базами даних молекулярної біології.

№ з/п	Назва теми заняття
1	Практична робота 1. Робота в базах даних Національного центру біотехнологічної інформації США (National Center for Biotechnology Information (NCBI)). Пошук літератури по використанню магнітотаксисних бактерій в таргетній терапії. Робота з пакетом pandas. Література: базова: [2] [3], інформаційні ресурси: [1].
	Практична робота 2. Використання пакету matplotlib для візуалізації експериментальних даних. Література: базова: [1], інформаційні ресурси [3].
5	Практична робота 3. Розв'язання задач регресійного аналізу та побудова математичних моделей на основі експериментальних даних в біотехнології з застосуванням пакету numpy та sklearn. Література: базова: [1], інформаційні ресурси [4,5].
4	Практична робота 4. Організація доступу до бази даних NCBI Entrez в пакеті Biopython. Пошук та визначення функцій білків-гомологів, що відповідають за біомінералізацію біогенних магнітних наночастинок (БМН) у мікроорганізмів з білками біомінералізації БМН у магнітотаксисних бактерій в NCBI. Проведення вирівнювання, визначення статистичних чисел. Література: базова: [1], інформаційні ресурси: [6].
5	Практична робота 5. Порівняння властивостей пам-білків магнітотаксисних бактерій та їх гомологів в протеомах мікроорганізмів з використанням пакетів numpy та Biopython. Візуалізація властивостей пам-білків магнітотаксисних бактерій та їх гомологів в протеомах мікроорганізмів з використанням пакету matplotlib. Література: базова: [1], інформаційні ресурси [6].
7	Практична робота 6. Кластеризації даних для задач молекулярної біології та біоінформатики з застосуванням пакетів scipy, sklearn, numpy. Література: інформаційні ресурси [4, 5, 7].
8	Практична робота 7. Моделювання експресії генів та сигналів кальцію з використанням пакету scipy. Література: інформаційні ресурси [7].
8	Практична робота 8. Використання пакету scipy мови програмування python для завдання спеціальних функцій та задач статистики. T-test для перевірки, чи відмінність між середніми значеннями двох вибірок даних є статистично значущою. Спеціальні тести для нормального розподілу. Порівняння двох вибірок, чи мають ці вибірки однакові статистичні властивості. Література: базова [2,3], інформаційні джерела [7]
9	Практична робота 9. МКР.

4. Політика навчальної дисципліни (освітнього компонента)

Вивчення дисципліни «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» відбувається на лекційних та практичних заняттях. Наочність навчальних занять забезпечується використанням значної кількості ілюстративного матеріалу (схем, таблиць, слайдів). Під час викладання даної дисципліни викладач проводить опитування аспірантів для того, щоб визначити рівень засвоєння ними викладеного матеріалу, важливим є активність аспірантів, підготовка ними на протязі семестру коротких доповідей чи текстів по темі лекцій. Практичні заняття проходять з використанням комп'ютерної техніки та відповідного програмного забезпечення. Викладання дисципліни проводиться відповідно до рейтингової системи оцінювання. Рейтинг аспіранта з дисципліни складається з балів, що він отримує в процесі роботи на практичних заняттях та написання модульної контрольної роботи. Знання аспіранта отримані за семестр навчання оцінюються за 100 бальною системою оцінки. В процесі навчання аспіранти можуть отримувати додаткові бали за виконання додаткових завдань запропонованих викладачем.

Положення про рейтингову систему оцінювання з дисципліни «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» до даної робочої навчальної програми представлені в Додатку 1.

- *правила відвідування занять (як лекцій, так і практичних/лабораторних);*
- Відвідування лекцій та практичних занять, а також відсутність на них, не оцінюється. Однак, аспірантам рекомендується відвідувати заняття, оскільки на них викладається теоретичний матеріал та розвиваються навички, необхідні для формування компетентностей, визначених стандартом освіти. Система оцінювання орієнтована на отримання балів за активність аспіранта, а також виконання завдань, які здатні розвинути практичні уміння та навички. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, працевлаштування, міжнародне стажування тощо) навчання може відбуватися в он-лайн формі за погодженням із керівником курсу.
- *правила поведінки на заняттях (активність, підготовка коротких доповідей чи текстів, відключення телефонів, використання засобів зв'язку для пошуку інформації на гугл-диску викладача чи в інтернеті тощо);*
- На аудиторних заняттях аспірант має поважати викладача та дисципліну, що він слухає. Виконувати елементарні правила та норми поведінки. Протягом заняття забороняється користуватися мобільними телефонами, окрім екстрених випадків. Норми етичної поведінки аспірантів і працівників визначені у розділі 2 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: <https://kpi.ua/code>.
- *правила призначення заохочувальних та штрафних балів;*
- Заохочувальні бали здобувач вищої освіти отримує за поставлені ним запитання доповідачу під час роботи на лекціях, за виконання додаткових завдань, за опрацювання актуальної літератури по темі курсу, за активність при відповіді на поставлені викладачем запитання (по 1 балу), але не більше 10 балів. Правила призначення заохочувальних та штрафних балів (штрафні бали та заохочувальні бали призначаються згідно підрозділу 5 цього силабусу).
- *політика дедлайнів та перескладань;*
- Термін здачі кожного виду роботи обговорюється на занятті під час видачі завдання та залежить від типу роботи. Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання тем (модулів) відбувається за наявності поважних причин.
- *політика щодо академічної доброчесності;*
- визначені у розділі 3 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: <https://kpi.ua/code>. Використання додаткових джерел інформації під час оцінювання знань заборонено (у т.ч. мобільних пристроїв). Мобільні пристрої дозволяється використовувати лише під час он-лайн тестування та виконання розрахунків.
- Аспірант зобов'язаний зареєструватися на платформі дистанційного навчання Google Workspace for Education Fundamentals (в минулому G Suit For Education) на домені

@LLL.kpi.ua та приєднатися до Google Класу «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» за посиланням:

<https://classroom.google.com/c/NDEyNTgzNTczMjUw?cjc=ujizvar>. Для цього аспіранту необхідно спочатку отримати акаунт в Google Workspace for Education Fundamentals на домені @LLL.kpi.ua. Для отримання акаунту в Google Workspace for Education Fundamentals на домені @LLL.kpi.ua необхідно заповнити Google форму:

https://sikorsky-distance.kpi.ua/reg_gsuite/. Після реєстрації та модерації заявки аспіранта, адміністратор надішле аспіранту на пошту пароль та логін до акаунту, з яким аспірант зможе використовувати всі доступні інструменти та сервіси Google Workspace for Education Fundamentals. Google Workspace for Education Fundamentals – це пакет спеціалізованого хмарного програмного забезпечення, інструментів для спільної роботи та дистанційного навчання від компанії Google. Основна складова пакету – система управління навчанням Google Клас, яка дозволяє викладачу створювати навчальні класи, оцінювати завдання, надавати учням зворотній зв'язок, публікувати оголошення і поширювати навчальні матеріали. Викладач може бачити, хто виконав завдання, а хто ще продовжує над ним працювати, а також читати питання і коментарі учнів. Для приєднання до навчального курсу «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» аспіранту потрібно перейти у Google Клас за посиланням <https://classroom.google.com/c/NDEyNTgzNTczMjUw?cjc=ujizvar>, натиснути зображення «+» у верхньому правому кутку браузера, вибрати «Приєднатися до класу» та ввести код курсу ujizvar. Акаунти аспірантів, які приєдналися до Google Класу не з акаунту на домені @LLL.kpi.ua, будуть вилучатися з навчального курсу «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» Google Класу тому, що автоматичний імпорт оцінок за тестування можливий виключно з акаунту на домені @LLL.kpi.ua. Система Google Клас автоматично надсилає кожному аспіранту бали по кожному з видів контролю на електронну пошту. Тому для ознайомлення з балами за кожен окремий вид контролю аспіранту необхідно змінити налаштування електронної пошти так, щоб ці електронні листи не потрапляли у спам. Всі виконані завдання для перевірки викладачем аспірант повинен завантажувати через систему Google Клас (результати виконання завдань, надіслані через WhatsApp чат перевірятися не будуть).

- Листування із аспірантами з організаційних питань буде здійснюватися через WhatsApp чат дисципліни.

5. Види контролю та рейтингова система оцінювання результатів навчання (PCO)

Поточний контроль: робота на практичних заняттях (40 балів) та МКР (10 балів). Загальна сума балів за семестрову роботу – 50 балів. Докладніша інформація щодо поточного контролю та критеріїв оцінювання наведена в PCO з дисципліни (Додаток 1).

Модульна контрольна робота проводиться з метою контролю якості засвоєного аспірантами матеріалу та внесення відповідних коректив у проходження учбового процесу за результатами написання модульної контрольної роботи. Модульна контрольна робота представляє собою перелік з 5 запитань з теми: «Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології та роботи з біоінформатичними базами даних» та теми: «Постгеномна ера в розвитку біоінженерії та біоінформатики. Таргетна терапія. Молекулярні основи генної терапії».

В процесі написання модульної контрольної роботи аспірант повинен показати всі отримані та засвоєні знання та мати можливість відповідати як на конкретні теоретичні питання так і вирішувати більш творчі завдання. Варіанти питань модульної контрольної роботи з дисципліни «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» представлено у Додатку 2.

Рейтингова система оцінювання результатів навчання аспірантів з кредитного модуля «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики» відповідає розподілу навчального часу за видами занять і завдань з дисципліни згідно з робочим навчальним планом.

Календарний контроль: проводиться в кінці семестру.

Протягом семестру аспірант має змогу отримати максимально 50 балів.

Написання модульної контрольної роботи та робота на практичних заняттях аспіранта оцінюється у 50 балів.

Детальна характеристика PCO наведена у Додатку 1.

Семестровий контроль: екзамен. Загальна сума балів на екзамені – 50 балів. Докладніша інформація щодо проведення та оцінювання наведена в РСО з дисципліни.

Умови допуску до семестрового контролю: написання МКР та захист практичних робіт.

6. Додаткова інформація з дисципліни (освітнього компонента)

Додаток 1

Рейтингова система оцінювання результатів навчання аспірантів з кредитного модуля курсу «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики»

№ п/п	Вид контролю	Бал	Кількість	Сума балів
1	Виконання практичних робіт			
	- ваговий бал	5	8	40
2.	Модульна контрольна робота			
	-ваговий бал	10	1	10
3.	Екзамен	50	1	50
4.				100

Рейтинг аспіранта з кредитного модуля складається з балів, що він отримує за:

- виконання та захист 8 практичних робіт;
- написання модульної контрольної роботи.

Практичні роботи. Ваговий бал – 40. Максимальна кількість балів за всі практичні роботи дорівнює $5 \text{ балів} \times 8 = 40 \text{ балів}$.

Написання модульної контрольної роботи. Модульна контрольна робота складається з 5 теоретичних питань. Максимальна кількість балів за модульну контрольну роботу 10 балів. Максимальна кількість балів за одне теоретичне питання дорівнює 2 балам.

Іспит оцінюється в 50 балів. Контрольне завдання іспиту складається з 5 запитань з переліку, що наданий у додатку 3 до робочої програми.

Кожне запитання оцінюється в 10 балів за такими критеріями:

повна відповідь (не менше 90% потрібної інформації), надані відповідні обґрунтування та особистий погляд – 9-10 балів;

достатньо повна відповідь (не менше 75% потрібної інформації), що виконана згідно з вимогами до рівня «умінь», або незначні неточності) – 7-8 балів;

неповна відповідь (не менше 60% потрібної інформації, що виконана згідно з вимогами до «стереотипного» рівня та деякі помилки) – 6 балів;

незадовільна відповідь – 0-5 балів.

Таблиця відповідності рейтингових балів оцінкам за університетською шкалою:

Кількість балів	Оцінка
100-95	Відмінно
94-85	Дуже добре
84-75	Добре
74-65	Задовільно
64-60	Достатньо
Менше 60	Незадовільно
Не виконані умови допуску	Не допущено

Додаток 2

Питання до модульної контрольної роботи з курсу «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики»

1. Історія розвитку та основні мови програмування.
2. Об'єктно-орієнтований підхід до програмування.
3. Процедурний підхід до програмування.
4. Основні переваги Python. Задачі, для яких застосовують Python.
5. Основні пакети Python.
6. Основні функції пакету Matplotlib для побудови графіків.
7. Основні засоби роботи з генетичними послідовностями пакету Biopython.
8. Функції для лінійної регресії в пакеті Sklearn.
9. На розв'язання якої задачі спрямований регресійний аналіз?
10. На розв'язання якої задачі спрямований кореляційний аналіз?
11. Який метод здійснює лінійну регресію наборів даних x , y ?
12. Що повертає метод `linregress(x, y)` пакету `stats` пакету `scipy`?
13. В якому діапазоні завжди знаходяться значення коефіцієнта кореляції? Як інтерпретуються значення коефіцієнта кореляції?
14. Який метод повертає коефіцієнти багатofакторної регресії? В якому пакеті цей метод доступний?
15. Для чого використовується модуль `Bio.Seq` та клас `Seq` пакету `Biopython`?
16. Які атрибути має кожен екземпляр класу `Seq` пакету `Biopython`?
17. Для чого використовується модуль `Bio.SeqRecord` та клас `SeqRecord` пакету `Biopython`?
18. Які атрибути має кожен екземпляр класу `SeqRecord` пакету `Biopython`?
19. Як записати послідовність з NCBI в код?
20. Які аргументи має функція `efetch()` пакету `Entrez`?
21. Як записати послідовність з NCBI в файл?
22. Як прочитати послідовність з файлу в код?
23. Які аргументи має функція `parse()` модуля `SeqIO`?
24. Наведіть які Ви знаєте функції, що використовуються як при роботі з рядками, так і з послідовностями в пакеті `Biopython`.
25. Які переваги пакету `scipy` в порівнянні з пакетом `numpy`?
26. Скільки пакетів включає в себе пакет `scipy`?
27. Який пакет пакету `scipy` містить спеціальні математичні функції?
28. Яке призначення пакету `cluster` пакету `scipy`?
29. Яке призначення пакету `constants` пакету `scipy`?
30. Яке призначення пакету `integrate` пакету `scipy`?
31. Яке призначення пакету `interpolate` пакету `scipy`?
32. Особливості постгеномної ери в розвитку біоінформатики.
33. Таргетна терапія, визначення, стратегія розвитку.
34. Приклади використання алгоритмів машинного навчання для розробки ліків
35. Вірусні системи доставки генів та ліків.
36. Невірусні системи доставки генів та ліків.
37. Методи магнітокерованої доставки генів та ліків.
38. Нові бактеріальні магнітокеровані методи доставки генів та ліків.
39. Приклади досягнень персоналізованої медицини.
40. Розвиток персоналізованої (прецизійної) медицини.
41. Приклади досягнень персоналізованої медицини у лікуванні раку.
42. Приклади досягнень персоналізованої медицини у лікуванні інфекційних захворювань.
43. Вирішення проблеми обстеження населення в різних країнах для врахування спадкових захворювань.
44. Виклики, що характерні в даний час для персоналізованої медицини: питання інтелектуальної власності, конфіденційності, відшкодування ризиків тощо.
45. Особливості генетичного аналізу при встановленні батьківства.
46. Види генетичних паспортів та генетичних тестів.

Питання до екзамену з курсу «Сучасні досягнення біоінженерії та біоінформатики»

1. Історія розвитку та основні мови програмування.
2. Об'єктно-орієнтований підхід до програмування.
3. Процедурний підхід до програмування.
4. Основні переваги Python. Задачі, для яких застосовують Python.
5. Основні пакети Python.
6. Основні функції пакету Matplotlib для побудови графіків.
7. Основні засоби роботи з генетичними послідовностями пакету Biopython.
8. Функції для лінійної регресії в пакеті Sklearn.
9. На розв'язання якої задачі спрямований регресійний аналіз?
10. На розв'язання якої задачі спрямований кореляційний аналіз?
11. Який метод здійснює лінійну регресію наборів даних x , y ?
12. Що повертає метод `linregress(x, y)` пакету `stats` пакету `scipy`?
13. В якому діапазоні завжди знаходяться значення коефіцієнта кореляції? Як інтерпретуються значення коефіцієнта кореляції?
14. Який метод повертає коефіцієнти багатofакторної регресії? В якому пакеті цей метод доступний?
15. Для чого використовується модуль `Bio.Seq` та клас `Seq` пакету `Biopython`?
16. Які атрибути має кожен екземпляр класу `Seq` пакету `Biopython`?
17. Для чого використовується модуль `Bio.SeqRecord` та клас `SeqRecord` пакету `Biopython`?
18. Які атрибути має кожен екземпляр класу `SeqRecord` пакету `Biopython`?
19. Як записати послідовність з NCBI в код?
20. Які аргументи має функція `efetch()` пакету `Entrez`?
21. Як записати послідовність з NCBI в файл?
22. Як прочитати послідовність з файлу в код?
23. Які аргументи має функція `parse()` модуля `SeqIO`?
24. Наведіть які Ви знаєте функції, що використовуються як при роботі з рядками, так і з послідовностями в пакеті `Biopython`.
25. Які переваги пакету `scipy` в порівнянні з пакетом `numpy`?
26. Скільки пакетів включає в себе пакет `scipy`?
27. Який пакет пакету `scipy` містить спеціальні математичні функції?
28. Яке призначення пакету `cluster` пакету `scipy`?
29. Яке призначення пакету `constants` пакету `scipy`?
30. Яке призначення пакету `integrate` пакету `scipy`?
31. Яке призначення пакету `interpolate` пакету `scipy`?
32. Особливості постгеномної ери в розвитку біоінформатики.
33. Таргетна терапія, визначення, стратегія розвитку.
34. Приклади використання алгоритмів машинного навчання для розробки ліків
35. Вірусні системи доставки генів та ліків.
36. Невірусні системи доставки генів та ліків.
37. Методи магнітокерованої доставки генів та ліків.
38. Нові бактеріальні магнітокеровані методи доставки генів та ліків.
39. Приклади досягнень персоналізованої медицини.
40. Розвиток персоналізованої (прецизійної) медицини.
41. Приклади досягнень персоналізованої медицини у лікуванні раку.
42. Приклади досягнень персоналізованої медицини у лікуванні інфекційних захворювань.
43. Вирішення проблеми обстеження населення в різних країнах для врахування спадкових захворювань.
44. Виклики, що характерні в даний час для персоналізованої медицини: питання інтелектуальної власності, конфіденційності, відшкодування ризиків тощо.
45. Особливості генетичного аналізу при встановленні батьківства.
46. Види генетичних паспортів та генетичних тестів.

Робочу програму навчальної дисципліни (силабус):
складено д.т.н., проф. Горобець С.В.

Ухвалено кафедрою біоенергетики, біоінформатики та екобіотехнології (протокол № 14 від 27.05.2024 р.)

Погоджено Методичною комісією факультету (протокол №19 від 28.06.2024)