|  |
| --- |
| Министерство науки и высшего образования Российской Федерации |
| Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение |
| высшего образования |
| «Российский государственный университет им. А.Н. Косыгина |
| (Технологии. Дизайн. Искусство)» |
|  |
| Институт  | Мехатроники и информационных технологий |
| Кафедра  | Прикладной математики и программирования |

|  |
| --- |
| **РАБОЧАЯ ПРОГРАММА****УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ** |
| **Биоинформатика** |
| Уровень образования  | бакалавриат |
| Направление подготовки/Специальность | 01.03.02 | Прикладная математика и информатика |
| Направленность (профиль)/Специализация | Системное программирование и компьютерные технологии |
| Срок освоения образовательной программы по очной форме обучения | 4 года |
| Форма обучения | очная |

|  |
| --- |
| Рабочая программа учебной дисциплины «Биоинформатика» основной профессиональной образовательной программы высшего образования*,* рассмотрена и одобрена на заседании кафедры, протокол №10 от 29.06.2021 г. |
| Разработчик рабочей программы учебной дисциплины: |
| Доцент | К.Ю. Горбунов |
| Заведующий кафедрой: | В.В. Горшков |

# ОБЩИЕ СВЕДЕНИЯ

Учебная дисциплина «Биоинформатика»изучается в третьем, четвёртом семестрах*.*

Курсовая работа – не предусмотрена.

## Форма промежуточной аттестации:

|  |  |
| --- | --- |
| третийсеместр | *-* зачет |
| четвёртый семестр | *-* зачет с оценкой |

## Место учебной дисциплины в структуре ОПОП

Учебная дисциплина Биоинформатика относится к обязательной части программы*.*

Основой для освоения дисциплины являются результаты обучения по предшествующим дисциплинам и практикам:

* + - Дискретная математика;
		- Основы информатики.

Результаты обучения по учебной дисциплине используются при изучении следующих дисциплин и прохождения практик:

* + - Математическая биология: модели и алгоритмы.

# ЦЕЛИ И ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ)

Целью освоения дисциплины «Биоинформатика» является:

* + - изучение понятий, используемых при обработке генетических последовательностей и оперирования с геномными базами данных, знакомство с основными алгоритмами биоинформатики, способами эффективной обработки данных большого объёма;
		- формирование навыков научно-теоретического подхода к решению задач профессиональной направленности и практического их использования в дальнейшей профессиональной деятельности;
		- формирование у обучающихся компетенций, установленных образовательной программой в соответствии с ФГОС ВО по данной дисциплине.

Результатом обучения по дисциплине является овладение обучающимися знаниями, умениями, навыками и опытом деятельности, характеризующими процесс формирования компетенций и обеспечивающими достижение планируемых результатов освоения дисциплины.

## Формируемые компетенции, индикаторы достижения компетенций, соотнесённые с планируемыми результатами обучения по дисциплине:

| **Код и наименование компетенции** | **Код и наименование индикатора****достижения компетенции** | **Планируемые результаты обучения** **по дисциплине** |
| --- | --- | --- |
| ОПК-3Способен применять и модифицировать математические модели для решения задач в области профессиональной деятельности | ИД-ОПК-3.1Анализ и использование математических моделей для решения актуальных задач прикладной математики и информатики. | * знает теоретические основы математических методов и возможности их применения в биоинформатических исследованиях.
* может разработать адекватную математическую модель данного биологического явления и исследовать её.
* владеет методами исследования математической модели биологических явлений, методами оценки оптимальных значений параметров модели, методами сбора, обработки и интерпретации экспериментальных данных*.*
* умеет применять методы теории алгоритмов и статистические методы при обработке результатов математического моделирования и экспериментальных исследований*.*
 |
| ИД-ОПК-3.2Осуществление адаптации и модификации математических моделей и алгоритмов для решения актуальных задач прикладной математики и информатики. |

# СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

Общая трудоёмкость учебной дисциплины/модуля по учебному плану составляет:

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| по очной форме обучения –  | 4 | **з.е.** | 144 | **час.** |

## Структура учебной дисциплины для обучающихся по видам занятий (очная форма обучения)

|  |
| --- |
| **Структура и объем дисциплины** |
| **Объем дисциплины по семестрам** | **форма промежуточной аттестации** | **всего, час** | **Контактная аудиторная работа, час** | **Самостоятельная работа обучающегося, час** |
| **лекции, час** | **практические занятия, час** | **лабораторные занятия, час** | **практическая подготовка, час** | **курсовая работа/****курсовой проект** | **самостоятельная работа обучающегося, час** | **промежуточная аттестация, час** |
| 3 семестр | зачет | 72 | 17 | 17 |  |  |  | 38 |  |
| 4 семестр | зачет с оценкой | 72 | 18 | 18 |  |  |  | 36 |  |
| Всего: |  | 144 | 35 | 35 |  |  |  | 74 |  |

## Структура учебной дисциплины/модуля для обучающихся по разделам и темам дисциплины: (очная форма обучения)

| **Планируемые (контролируемые) результаты освоения:** **код(ы) формируемой(ых) компетенции(й) и индикаторов достижения компетенций** | **Наименование разделов, тем;****форма(ы) промежуточной аттестации** | **Виды учебной работы** | **Самостоятельная работа, час** | **Виды и формы контрольных мероприятий, обеспечивающие по совокупности текущий контроль успеваемости;****формы промежуточного контроля успеваемости** |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Контактная работа** |
| **Лекции, час** | **Практические занятия, час** | **Лабораторные работы/ индивидуальные занятия, час** | **Практическая подготовка, час** |
|  | **Третий семестр** |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел I. Поиск данных в генетических последовательностях** | х | х | х | х | 10 |  |
| Тема 1.1. Поиск фиксированного множества образцов в геномах с построением дерева образцов. Алгоритм Ахо-Корасика. | 1 |  |  |  | x | Формы текущего контроля по разделу I:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 1.2. Поиск образцов в фиксированном геноме с построением его суффиксного дерева. Поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в геноме. | 2 |  |  |  | x |
| Тема 1.3. Поиск общего фрагмента максимальной длины в заданном множестве генетических последовательностей. Поиск консервативных участков в наборе последовательностей ДНК. | 1 |  |  |  | x |
| Тема 1.4.Суффиксные массивы, их построение и применение. | 1 |  |  |  | x |
| Практическое занятие № 1.1. Построение дерева образцов по данным образцам. Одновременный обход текста и дерева образцов с определением всех вхождений образцов в текст. |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 1.2. Построение суффиксного дерева по данному участку ДНК. Поиск вхождений данного образца в этом участке обходом поддерева суффиксного дерева. Аналогичный поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в нём. |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 1.3. Построение суффиксного дерева по данным трём участкам ДНК. Быстрый поиск заранее неизвестных фрагментов максимальной длины, входящих во все участки. |  | 2 |  |  | x |
| Практическое занятие № 1.4. Построение суффиксного массива данного участка ДНК. Поиск с его помощью заданных образцов в нём.  |  | 1 |  |  | x |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел II. Скрытые Марковские модели** | х | х | х | х | 9 |  |
| Тема 2.1. Скрытые Марковские модели (HMM). Вероятность порождения скрытой Марковской моделью данной последовательности. Поиск оптимального пути, порождающего данную последовательность. Алгоритм Витерби. | 1 |  |  |  | x | Формы текущего контроля по разделу II:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 2.2. Применение скрытых Марковских моделей для поиска в геноме неточных вхождений данного образца. | 1 |  |  |  | x |
| Тема 2.3. Применение скрытых Марковских моделей для поиска участков генома с известными приближёнными частотами букв. | 1 |  |  |  | x |
| Практическое занятие № 2.1. Вычисление вероятности порождения данной скрытой Марковской моделью данной последовательности. Поиск оптимального пути, порождающего данную последовательность в этой модели.  |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 2.2. Построение скрытой Марковской модели по данным неточным описаниям образца. Поиск оптимального пути в ней, порождающего данную последовательность и её разбиение на участки, включая вхождения искомого образца. |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 2.3. Примеры описания участков указанием примерных частот букв в них. Построение скрытой Марковской модели по указанным частотам букв в искомых участках. Поиск оптимального пути в ней, порождающего данную последовательность и её разбиение на участки, включая искомые. |  | 1 |  |  | x |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел III. Выравнивание генетических последовательностей** | х | х | х | х | 10 |  |
| Тема 3.1. Глобальное выравнивание двух последовательностей. Вес выравнивания. Алгоритм выравнивания Нидлмана – Вунша. | 1 |  |  |  | x | Формы текущего контроля по разделу III:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 3.2. Локальное выравнивание двух последовательностей. Алгоритм Смита – Уотермана. Поиск ортологов, пакет программ BLAST. Матрицы замен аминокислот, серии матриц BLOSUM и PAM. | 2 |  |  |  | x |
| Тема 3.3. Выравнивание с учётом кратных делеций. Алгоритм выравнивания при аффинном штрафе за делеции. | 1 |  |  |  | x |
| Тема 3.4. Множественное выравнивание генетических последовательностей. Оценка качества выравнивания. Алгоритм прогрессивного выравнивания. Программы ClustalW и Muscle. | 1 |  |  |  | x |
| Практическое занятие № 3.1. Вычисление веса данного глобального выравнивания. Построение глобального выравнивания двух данных участков ДНК алгоритмом Нидлмана – Вунша.  |  | 2 |  |  | x |
| Практическое занятие № 3.2. Вычисление веса данного локального выравнивания. Построение локального выравнивания двух данных участков ДНК алгоритмом Смита – Уотермана. Выполнение поиска ортолога данной последовательности ДНК с помощью пакета программ BLAST.  |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 3.3. Вычисление веса данного выравнивания с учётом кратных делеций при аффинном штрафе за них. Построение выравнивания при аффинном штрафе методом условного динамического программирования. |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 3.4. Вычисление качества данного множественного выравнивания. Построение множественного выравнивания данных участков ДНК методом прогрессивного расширения, а также с помощью программ ClustalW и Muscle, |  | 1 |  |  | x |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел IV. Вторичные структуры РНК** | х | х | х | х | 9 |  |
| Тема 4.1. Вторичная структура РНК, её элементы. Роль вторичных структур РНК в регуляции экспрессии генов. Энергия вторичной структуры. | 1 |  |  |  | x | Формы текущего контроля по разделу IV:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 4.2. Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов. Алгоритм Нуссинофф. | 1 |  |  |  | x |
| Тема 4.3. Построения вторичной структуры РНК с минимальной энергией, Алгоритм Зукера. Программа RNAstructure. | 2 |  |  |  | x |
| Практическое занятие № 4.1. Выявление элементов данной вторичной структуры РНК: спиралей, внутренних и внешних петель, выпячиваний, мультипетель, псевдоузлов. Вычисление энергии данной вторичной структуры РНК. |  | 1 |  |  | x |
| Практическое занятие № 4.2. Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов на данной последовательности РНК методом динамического программирования. |  | 2 |  |  | x |
| Практическое занятие № 4.3. Построение вторичной структуры РНК с минимальной энергией на данной последовательности РНК алгоритмом Зукера. Использование программы RNAstructure для этой цели. |  | 1 |  |  | x |
|  | Зачет | х | х | х | х | х | зачет по совокупности результатов текущего контроля успеваемости,индивидуальные зачётные задания, устный опрос |
|  | **ИТОГО за третий семестр** | **17** | **17** |  |  | **38** |  |
|  | **Четвертый семестр** |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел V. Филогенетические деревья** | х | х | х | х | 16 | Формы текущего контроля по разделу V:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 5.1. Филогенетические деревья, их виды. Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом взвешенного среднего (UPGMA). | 1 |  |  |  | х |
| Тема 5.2. Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Программы CLUSTAL, PHILIP, MEGA. | 1 |  |  |  | х |
| Тема 5.3. Методы построения филогенетических деревьев, основанные на принципах максимальной экономии и максимизации вероятности эволюционного сценария. Программы PhyloBayes, MrBayes, PHYML. | 1 |  |  |  | х |
| Тема 5.4. Задача реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева объектов или величин, заданных в листьях. Принцип максимальной экономии. | 1 |  |  |  | х |
| Тема 5.5. Задача согласования дерева генов с деревом видов. Вложение дерева генов в дерево видов. Определение цены вложения. Построение вложения без горизонтальных переносов генов. | 1 |  |  |  | х |
| Тема 5.6. Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом горизонтальных переносов генов. | 1 |  |  |  | х |
| Тема 5.7. Оптимальная бинаризация небинарного дерева генов относительно данного дерева видов. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 5.8. Задача согласования набора деревьев генов в единое дерево видов. | 1 |  |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.1. Построение корневого филогенетического дерева белков по данному множественному выравниванию участков ДНК методом взвешенного среднего (UPGMA). Приближённое определение длин ветвей построенного дерева методом линейного программирования. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.2. Построение бескорневого дерева по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Применение программ CLUSTAL, PHILIP, MEGA для построения дерева. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.3. Применение программ PhyloBayes, MrBayes, PHYML для построения дерева по данному множественному выравниванию участков ДНК, задание параметров в них. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.4. Выполнение реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева символов, заданных в листьях, на основе принципа максимальной экономии. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.5. Построение вложения данного дерева генов в данное дерево видов с учётом событий дупликации гена и потери гена. Вычисление цены вложения, как суммы цен событий дупликации гена и потери гена.  |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.6. Разбиение ветвей дерева видов на временные слои. Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом событий дупликации гена, потери гена, горизонтального переноса гена. Вычисление цены вложения. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.7. Выполнение бинаризации данного небинарного дерева генов, дающей бинарное дерево с оптимальным вложением в данное дерево видов. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 5.8. Построение супердерева видов, как дерева, в которое вкладываются данные деревья генов с минимальной суммарной ценой вложений.  |  | 1 |  |  |  |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел VI. Геномные структуры и блоки синтении в них** | х | х | х | х | 8 | Формы текущего контроля по разделу VI:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 6.1. Строгие блоки синтении генов в простейшей геномной структуре, их поиск. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 6.2. Формальная модель блоков синтении генов. Применение PQ-деревьев для представления множества нестрогих блоков синтении. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 6.3. Геномные структуры, типы их перестроек. Задача сортировки участка хромосомы инверсиями. Схема алгоритма её решения. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 6.4. DCJ-операции над геномной структурой. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую. | 1 |  |  |  |  |
| Практическое занятие № 6.1. Поиск строгих блоков синтении в данном наборе геномных структур, состоящих из одной линейной хромосомы. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 6.2. Построение PQ-дерева для представления множества нестрогих блоков синтении в данном наборе геномных структур, состоящих из одной линейной хромосомы. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 6.3. Построение кратчайшего преобразования одной данной геномной структуры в другую, если каждая структура состоит из одной линейной хромосомы, и допустимы лишь операции инверсии.  |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 6.4. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую путём приведения общего графа этих структур к финальному виду. |  | 1 |  |  |  |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел VII. Секвенирование и сборка геномов** | х | х | х | х | 6 | Формы текущего контроля по разделу VII:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 7.1. Задача секвенирования ДНК и сборки фрагментов. Обработка данных секвенирования. Анализ качества и очистка чтений. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 7.2. Алгоритмы сборки геномов из коротких ридов. Ошибки секвенирования и борьба с ними. Граф перекрытий. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 7.3. Граф де Брюйна и его применение для сборки фрагментов ДНК | 1 |  |  |  |  |
| Практическое занятие № 7.1. Выполнение сборки генома вручную по данному набору коротких ридов. Обнаружение и исправление ошибок секвенирования в них. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 7.2. Выполнение сборки генома по данному набору коротких ридов построением гамильтонова цикла в графе перекрытий. Обнаружение и исправление ошибок секвенирования в них. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 7.3. Выполнение сборки генома по данному набору коротких ридов построением эйлерова цикла в графе де Брюйна. Обнаружение и исправление ошибок секвенирования в них. |  | 1 |  |  |  |
| ОПК-3: ИД-OПК-3.1ИД-ОПК-3.2 | **Раздел VIII. Биоинформатические базы данных** | х | х | х | х | 6 | Формы текущего контроля по разделу VIII:устный опрос, проверка домашних заданий,проверка контрольной работы, проверка индивидуальных заданий. |
| Тема 8.1. База данных GenBank, её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей.  | 1 |  |  |  |  |
| Тема 8.2. База данных SwissProt, её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. | 1 |  |  |  |  |
| Тема 8.3. База данных Ensembl, её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. | 1 |  |  |  |  |
| Практическое занятие № 8.1. Освоение основных приёмов работы с базой данных GenBank. Её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 8.2. Освоение основных приёмов работы с базой данных SwissProt. Её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. |  | 1 |  |  |  |
| Практическое занятие № 8.3. Освоение основных приёмов работы с базой данных Ensembl. Её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. |  | 1 |  |  |  |
|  | Зачет с оценкой | х | х | х | х | х | зачет проводится в письменной форме по билетам согласно программе зачета |
|  | **ИТОГО за четвертый семестр** | 18 | 18 |  |  | 36 |  |
|  | **ИТОГО за весь период** | **35** | **35** |  |  | **74** |  |

## Краткое содержание учебной дисциплины

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **№ пп** | **Наименование раздела и темы дисциплины** | **Содержание раздела (темы)** |
| **Раздел I** | **Поиск данных в генетических последовательностях** |
| Тема 1.1 | Поиск фиксированного множества образцов в геномах с построением дерева образцов. Алгоритм Ахо-Корасика. | Важность быстрого поиска в геноме. Построение дерева образцов. Одновременный обход текста и дерева образцов с определением всех вхождений образцов в текст. |
| Тема 1.2 | Поиск образцов в фиксированном геноме с построением его суффиксного дерева. Поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в геноме. | Важность быстрого поиска в геноме. Построение суффиксного дерева текста. Быстрый поиск вхождений образца в текст обходом поддерева суффиксного дерева. Аналогичный поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в тексте. |
| Тема 1.3 | Поиск общего фрагмента максимальной длины в заданном множестве генетических последовательностей. Поиск консервативных участков в наборе последовательностей ДНК. | Построение суффиксного дерева нескольких текстов. Быстрый поиск заранее неизвестных фрагменов максимальной длины, входящих во все тексты. Консервативные участки в наборе последовательностей ДНК, важность их поиска для выявления эволюционных сценариев. |
| Тема 1.4 | Суффиксные массивы, их построение и применение. | Определение и построение суффиксного массива текста. Решение с его помощью задачи поиска образцов в данном тексте. Достоинства и недостатки суффиксного массива по сравнению с суффиксным деревом. |
| **Раздел II** | **Скрытые Марковские модели** |
| Тема 2.1 | Скрытые Марковские модели (HMM). Вероятность порождения скрытой Марковской моделью данной последовательности. Поиск оптимального пути, порождающего данную последовательность. Алгоритм Витерби. | Определение скрытой Марковской модели. Задачи разбиения текста на участки, решаемая с её помощью. Вычисление вероятности порождения скрытой Марковской моделью данной последовательности. Алгоритм поиска оптимального пути, порождающего данную последовательность в скрытой Марковской модели.  |
| Тема 2.2 | Применение скрытых Марковских моделей для поиска в геноме неточных вхождений данного образца. | Примеры неточного описания искомых образцов. Построение по нему скрытой Марковской модели. Алгоритм поиска оптимального пути в ней, порождающего данную последовательность и её разбиение на участки, включая вхождения искомого образца. |
| Тема 2.3 | Применение скрытых Марковских моделей для поиска участков генома с известными приближёнными частотами букв. | Примеры описания участков указанием примерных частот букв в них. Построение по нему скрытой Марковской модели. Алгоритм поиска оптимального пути в ней, порождающего данную последовательность и её разбиение на участки, включая искомые. |
| **Раздел III** | **Выравнивание генетических последовательностей** |
| Тема 3.1 | Глобальное выравнивание двух последовательностей. Вес выравнивания. Алгоритм выравнивания Нидлмана – Вунша. | Определение глобального выравнивание двух последовательностей, принципы задания весовых параметров в нём. Вычисление веса выравнивания. Алгоритм выравнивания Нидлмана – Вунша методом динамического программирования. |
| Тема 3.2 | Локальное выравнивание двух последовательностей. Алгоритм Смита – Уотермана. Поиск ортологов, пакет программ BLAST. Матрицы замен аминокислот, серии матриц BLOSUM и PAM. | Определение локального выравнивание двух последовательностей, принципы задания весовых параметров в нём. Вычисление веса выравнивания. Алгоритм выравнивания Смита – Уотермана методом динамического программирования. Понятие генов-ортологов, их поиск с помощью пакета программ BLAST. Матрицы замен аминокислот из серии BLOSUM и PAM, их применение для выравнивания аминокислотных последовательностей. |
| Тема 3.3 | Выравнивание с учётом кратных делеций. Алгоритм выравнивания при аффинном штрафе за делеции. | Определение выравнивание двух последовательностей с учётом кратных делеций при аффинном штрафе за них. Биологический смысл такого выравнивания. Алгоритм выравнивания при аффинном штрафе методом условного динамического программирования. |
| Тема 3.4 | Множественное выравнивание генетических последовательностей. Оценка качества выравнивания. Алгоритм прогрессивного выравнивания. Программы ClustalW и Muscle. | Определение множественного выравнивания набора последовательностей. Оценка качества выравнивания. Алгоритм прогрессивного выравнивания набора последовательностей. Программы ClustalW и Muscle, построение множественного выравнивания с их помощью. |
| **Раздел IV** | **Вторичные структуры РНК** |
| Тема 4.1 | Вторичная структура РНК, её элементы. Роль вторичных структур РНК в регуляции экспрессии генов. Энергия вторичной структуры. | Вторичная структура РНК, её элементы: спирали, петли, выпячивания, псевдоузлы. Роль вторичных структур РНК в регуляции экспрессии генов. Вычисление энергии вторичной структуры РНК. |
| Тема 4.2 | Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов. Алгоритм Нуссинофф. | Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов. Алгоритм Нуссинофф, основанный на методе динамического программирования. |
| Тема 4.3 | Построения вторичной структуры РНК с минимальной энергией, Алгоритм Зукера. Программа RNAstructure. | Энергия вторичной структуры, смысл её минимизации. Построения вторичной структуры РНК с минимальной энергией алгоритмом Зукера. Программа RNAstructure, задание параметров в ней. |
| **Раздел V** | **Филогенетические деревья** |
| Тема 5.1 | Филогенетические деревья, их виды. Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом взвешенного среднего (UPGMA). | Филогенетические деревья, их виды: корневые и бескорневые, бинарные и политомические. Отражение эволюционного процесса филогенетическим деревом. Построение корневого филогенетического дерева белков по матрице расстояний методом взвешенного среднего (UPGMA). Приближённое определение длин ветвей дерева методом линейного программирования. |
| Тема 5.2 | Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Программы CLUSTAL, PHILIP, MEGA. | Бескорневые филогенетические деревья, принципы их укоренения. Построение бескорневого дерева по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Применение программ CLUSTAL, PHILIP, MEGA для построения дерева. |
| Тема 5.3 | Методы построения филогенетических деревьев, основанные на принципах максимальной экономии и максимизации вероятности эволюционного сценария. Программы PhyloBayes, MrBayes, PHYML. | Принципы максимальной экономии и максимизации вероятности эволюционного сценария. Методы построения филогенетических деревьев, основанные на этих принципах. Применение программ PhyloBayes, MrBayes, PHYML для построения дерева, задание параметров в них. |
| Тема 5.4 | Задача реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева объектов или величин, заданных в листьях. Принцип максимальной экономии. | Постановка задачи реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева объектов или величин, заданных в листьях. Принцип максимальной экономии, как основа реконструкции. Примеры реконструкции. |
| Тема 5.5 | Задача согласования дерева генов с деревом видов. Вложение дерева генов в дерево видов. Определение цены вложения. Построение вложения без горизонтальных переносов генов. | Причины несовпадения дерева генов с деревом соответствующих видов. Постановка задачи согласования этих деревьев. Вложение дерева генов в дерево видов. Определение цены вложения, как суммы цен событий дупликации гена и потери гена. Алгоритм построения простейшего вложения с минимальной ценой. |
| Тема 5.6 | Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом горизонтальных переносов генов. | Событие горизонтального переноса гена, его биологические механизмы. Виды горизонтального переноса: с сохранением копии гена в источнике и без сохранения. Важность согласованности во времени событий горизонтального переноса. Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом горизонтальных переносов генов. |
| Тема 5.7 | Оптимальная бинаризация небинарного дерева генов относительно данного дерева видов. | Небинарное филогенетическое дерево и его бинаризация. Бинаризация небинарного дерева генов, дающая бинарное дерево с оптимальным вложением в данное дерево видов. |
| Тема 5.8 | Задача согласования набора деревьев генов в единое дерево видов. | Понятие супердерева видов, как дерева, в которое вкладываются деревья генов из данного набора с минимальной суммарной ценой вложений. Построение супердерева видов по данному набору деревьев генов. |
| **Раздел VI** | **Геномные структуры и блоки синтении в них** |
| Тема 6.1 | Строгие блоки синтении генов в простейшей геномной структуре, их поиск. | Понятие геномной структуры. Блоки синтении и важность их выявления для определения степени родственности геномов. Алгоритм поиска строгих блоков синтении в наборе геномных структур из одной линейной хромосомы. |
| Тема 6.2 | Формальная модель блоков синтении генов. Применение PQ-деревьев для представления множества нестрогих блоков синтении. | Нестрогие блоки синтении, их формальная модель. Понятие PQ-дерева. Применение PQ-деревьев для представления множества нестрогих блоков синтении в наборе геномных структур из одной линейной хромосомы. |
| Тема 6.3 | Геномные структуры, типы их перестроек. Задача сортировки участка хромосомы инверсиями. Схема алгоритма её решения. | Перестройки геномной структуры: инверсии, трансверсии, транслокации. Задача кратчайшего преобразования одной геномной структуры в другую. Задача сортировки линейной хромосомы, т.е. приведения её к простейшему упорядоченному виду. Эквивалентность задачи преобразования инверсиями линейных хромосом задаче сортировки. Схема алгоритма решения этой задачи.  |
| Тема 6.4 | DCJ-операции над геномной структурой. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую. | Определение DCJ-операций над геномной структурой: двойная и полуторная переклейка, разрез и склейка. Понятие общего графа двух геномных структур. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую путём приведения общего графа к финальному виду. |
| **Раздел VII** | **Секвенирование и сборка геномов** |
| Тема 7.1 | Задача секвенирования ДНК и сборки фрагментов. Обработка данных секвенирования. Анализ качества и очистка чтений. | Смысл секвенирования ДНК. Принципы работы современных секвенаторов. Обработка данных секвенирования. Основные методы сборки генома. Анализ качества и очистка чтений. |
| Тема 7.2 | Алгоритмы сборки геномов из коротких ридов. Ошибки секвенирования и борьба с ними. Граф перекрытий. | Алгоритм сборки геномов из коротких ридов, основанный на графе перекрытий и построении гамильтонова цикла в нём. Источники ошибок секвенирования и методы их устранения. |
| Тема 7.3 | Граф де Брюйна и его применение для сборки фрагментов ДНК | Алгоритм сборки геномов из коротких ридов, основанный на графе де Брюйна и построении эйлерова цикла в нём. Методы устранения ошибок секвенирования в этом алгоритме. |
| **Раздел VIII** | **Биоинформатические базы данных** |
| Тема 8.1 | База данных GenBank, её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей.  | Основные приёмы работы с базой данных GenBank. Её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей. |
| Тема 8.2 | База данных SwissProt, её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. | Основные приёмы работы с базой данных SwissProt. Её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. |
| Тема 8.3 | База данных Ensembl, её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. | Основные приёмы работы с базой данных Ensembl. Её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. |

## Организация самостоятельной работы обучающихся

Самостоятельная работа студента – обязательная часть образовательного процесса, направленная на развитие готовности к профессиональному и личностному самообразованию, на проектирование дальнейшего образовательного маршрута и профессиональной карьеры.

Самостоятельная работа обучающихся по дисциплине организована как совокупность аудиторных и внеаудиторных занятий и работ, обеспечивающих успешное освоение дисциплины.

Аудиторная самостоятельная работа обучающихся по дисциплине выполняется на учебных занятиях под руководством преподавателя и по его заданию*.* Аудиторная самостоятельная работа обучающихся входит в общий объем времени, отведенного учебным планом на аудиторную работу, и регламентируется расписанием учебных занятий.

Внеаудиторная самостоятельная работа обучающихся – планируемая учебная, научно-исследовательская, практическая работа обучающихся, выполняемая во внеаудиторное время по заданию и при методическом руководстве преподавателя, но без его непосредственного участия, расписанием учебных занятий не регламентируется.

Внеаудиторная самостоятельная работа обучающихся включает в себя:

подготовку к лекциям, практическим занятиям, зачетам;

изучение учебных пособий;

изучение тем, не выносимых на лекции и практические занятия самостоятельно;

написание тематических докладов, рефератов на проблемные темы;

изучение теоретического и практического материала по рекомендованным источникам;

выполнение домашних заданий;

подготовка к контрольной работе;

выполнение индивидуальных заданий;

подготовка к промежуточной аттестации в течение семестра;

Самостоятельная работа обучающихся с участием преподавателя в форме иной контактной работы предусматривает групповую или индивидуальную работу с обучающимися и включает в себя:

проведение индивидуальных и групповых консультаций по отдельным темам/разделам дисциплины;

проведение консультаций перед зачетом или зачетом с оценкой по необходимости;

Перечень разделов/тем/, полностью или частично отнесенных на самостоятельное изучение с последующим контролем:

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **№ пп** | **Наименование раздела и темы дисциплины*,* выносимые на самостоятельное изучение** | **Задания для самостоятельной работы** | **Виды и формы контрольных мероприятий****(учитываются при проведении текущего контроля)** | **Трудоемкость, час** |
| **Раздел I** | **Поиск данных в генетических последовательностях** |
| Тема 1.1 | Поиск фиксированного множества образцов в геномах с построением дерева образцов. Алгоритм Ахо-Корасика. | Построение дерева образцов по данным образцам. Одновременный обход текста и дерева образцов с определением всех вхождений образцов в текст. | устное собеседование по результатам выполненной работы. | **2** |
| Тема 1.2 | Поиск образцов в фиксированном геноме с построением его суффиксного дерева. Поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в геноме. | Построение суффиксного дерева по данному участку ДНК. Поиск вхождений данного образца в этом участке обходом поддерева суффиксного дерева. Аналогичный поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в нём. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | **3** |
| Тема 1.3 | Поиск общего фрагмента максимальной длины в заданном множестве генетических последовательностей. Поиск консервативных участков в наборе последовательностей ДНК. | Построение суффиксного дерева по данным трём участкам ДНК. Быстрый поиск заранее неизвестных фрагменов максимальной длины, входящих во все участки. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | **3** |
| Тема 1.4 | Суффиксные массивы, их построение и применение. | Построение суффиксного массива данного участка ДНК. Поиск с его помощью заданных образцов в нём.  | контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | **2** |
| **Раздел II** | **Скрытые Марковские модели** |
| Тема 2.1 | Скрытые Марковские модели (HMM). Вероятность порождения скрытой Марковской моделью данной последовательности. Поиск оптимального пути, порождающего данную последовательность. Алгоритм Витерби. | Вычисление вероятности порождения данной скрытой Марковской моделью данной последовательности. Поиск оптимального пути, порождающего данную последовательность в этой модели.  | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | **3** |
| Тема 2.2 | Применение скрытых Марковских моделей для поиска в геноме неточных вхождений данного образца. | Построение скрытой Марковской модели по данным неточным описаниям образца. Поиск оптимального пути в ней, порождающего данную последовательность и её разбиение на участки, включая вхождения искомого образца. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | **3** |
| Тема 2.3 | Применение скрытых Марковских моделей для поиска участков генома с известными приближёнными частотами букв. | Примеры описания участков указанием примерных частот букв в них. Построение скрытой Марковской модели по указанным частотам букв в искомых участках. Поиск оптимального пути в ней, порождающего данную последовательность и её разбиение на участки, включая искомые. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | **3** |
| **Раздел III** | **Выравнивание генетических последовательностей** |  |
| Тема 3.1 | Глобальное выравнивание двух последовательностей. Вес выравнивания. Алгоритм выравнивания Нидлмана – Вунша. | Вычисление веса данного глобального выравнивания. Построение глобального выравнивания двух данных участков ДНК алгоритмом Нидлмана – Вунша.  | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 3 |
| Тема 3.2 | Локальное выравнивание двух последовательностей. Алгоритм Смита – Уотермана. Поиск ортологов, пакет программ BLAST. Матрицы замен аминокислот, серии матриц BLOSUM и PAM. | Вычисление веса данного локального выравнивания. Построение локального выравнивания двух данных участков ДНК алгоритмом Смита – Уотермана. Выполнение поиска ортолога данной последовательности ДНК с помощью пакета программ BLAST.  | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 3 |
| Тема 3.3 | Выравнивание с учётом кратных делеций. Алгоритм выравнивания при аффинном штрафе за делеции. | Вычисление веса данного выравнивания с учётом кратных делеций при аффинном штрафе за них. Построение выравнивания при аффинном штрафе методом условного динамического программирования. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 3.4 | Множественное выравнивание генетических последовательностей. Оценка качества выравнивания. Алгоритм прогрессивного выравнивания. Программы ClustalW и Muscle. | Вычисление качества данного множественного выравнивания. Построение множественного выравнивания данных участков ДНК методом прогрессивного расширения, а также с помощью программ ClustalW и Muscle, | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| **Раздел IV** | **Вторичные структуры РНК** |
| Тема 4.1 | Вторичная структура РНК, её элементы. Роль вторичных структур РНК в регуляции экспрессии генов. Энергия вторичной структуры. | Выявление элементов данной вторичной структуры РНК: спиралей, внутренних и внешних петель, выпячиваний, мультипетель, псевдоузлов. Вычисление энергии данной вторичной структуры РНК. | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 3 |
| Тема 4.2 | Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов. Алгоритм Нуссинофф. | Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов на данной последовавтельности РНК методом динамического программирования. | контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 3 |
| Тема 4.3 | Построения вторичной структуры РНК с минимальной энергией, Алгоритм Зукера. Программа RNAstructure. | Построение вторичной структуры РНК с минимальной энергией на данной последовательности РНК алгоритмом Зукера. Использование программы RNAstructure для этой цели. | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 3 |
| **Раздел V** | **Филогенетические деревья** |
| Тема 5.1 | Филогенетические деревья, их виды. Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом взвешенного среднего (UPGMA). | Построение корневого филогенетического дерева белков по данному множественному выравниванию участков ДНК методом взвешенного среднего (UPGMA). Приближённое определение длин ветвей построенного дерева методом линейного программирования. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 5.2 | Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Программы CLUSTAL, PHILIP, MEGA. | Построение бескорневого дерева по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Применение программ CLUSTAL, PHILIP, MEGA для построения дерева. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 5.3 | Методы построения филогенетических деревьев, основанные на принципах максимальной экономии и максимизации вероятности эволюционного сценария. Программы PhyloBayes, MrBayes, PHYML. | Применение программ PhyloBayes, MrBayes, PHYML для построения дерева по данному множественному выравниванию участков ДНК, задание параметров в них. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 5.4 | Задача реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева объектов или величин, заданных в листьях. Принцип максимальной экономии. | Выполнение реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева символов, заданных в листьях, на основе принципа максимальной экономии. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 5.5 | Задача согласования дерева генов с деревом видов. Вложение дерева генов в дерево видов. Определение цены вложения. Построение вложения без горизонтальных переносов генов. | Построение вложения данного дерева генов в данное дерево видов с учётом событий дупликации гена и потери гена. Вычисление цены вложения, как суммы цен событий дупликации гена и потери гена.  | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 5.6 | Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом горизонтальных переносов генов. | Разбиение ветвей дерева видов на временные слои. Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом событий дупликации гена, потери гена, горизонтального переноса гена. Вычисление цены вложения. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 5.7 | Оптимальная бинаризация небинарного дерева генов относительно данного дерева видов. | Выполнение бинаризации данного небинарного дерева генов, дающей бинарное дерево с оптимальным вложением в данное дерево видов. | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 2 |
| Тема 5.8 | Задача согласования набора деревьев генов в единое дерево видов. | Построение супердерева видов, как дерева, в которое вкладываются данные деревья генов с минимальной суммарной ценой вложений.  | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 2 |
| **Раздел VI** | **Геномные структуры и блоки синтении в них** |
| Тема 6.1 | Строгие блоки синтении генов в простейшей геномной структуре, их поиск. | Поиск строгих блоков синтении в данном наборе геномных структур, состоящих из одной линейной хромосомы. | контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 6.2 | Формальная модель блоков синтении генов. Применение PQ-деревьев для представления множества нестрогих блоков синтении. | Построение PQ-дерева для представления множества нестрогих блоков синтении в данном наборе геномных структур, состоящих из одной линейной хромосомы. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| Тема 6.3 | Геномные структуры, типы их перестроек. Задача сортировки участка хромосомы инверсиями. Схема алгоритма её решения. | Построение кратчайшего преобразования одной данной геномной структуры в другую, если каждая структура состоит из одной линейной хромосомы, и допустимы лишь операции инверсии.  | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 2 |
| Тема 6.4 | DCJ-операции над геномной структурой. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую. | Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую путём приведения общего графа этих структур к финальному виду. | устное собеседование по результатам выполненной работы, контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| **Раздел VII** | **Секвенирование и сборка геномов** |
| Тема 7.1 | Задача секвенирования ДНК и сборки фрагментов. Обработка данных секвенирования. Анализ качества и очистка чтений. | Выполнение сборки генома вручную по данному набору коротких ридов. Обнаружение и исправление ошибок секвенирования в них. | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 2 |
| Тема 7.2 | Алгоритмы сборки геномов из коротких ридов. Ошибки секвенирования и борьба с ними. Граф перекрытий. | Выполнение сборки генома по данному набору коротких ридов построением гамильтонова цикла в графе перекрытий. Обнаружение и исправление ошибок секвенирования в них. | устное собеседование по результатам выполненной работы. | 2 |
| Тема 7.3 | Граф де Брюйна и его применение для сборки фрагментов ДНК | Выполнение сборки генома по данному набору коротких ридов построением эйлерова цикла в графе де Брюйна. Обнаружение и исправление ошибок секвенирования в них. | контрольвыполненных работ в текущей аттестации. | 2 |
| **Раздел VIII** | **Биоинформатические базы данных** |
| Тема 8.1 | База данных GenBank, её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей.  | Освоение основных приёмов работы с базой данных GenBank. Её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей. | демонстрация студентом приёмов работы с базой данных. | 2 |
| Тема 8.2 | База данных SwissProt, её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. | Освоение основных приёмов работы с базой данных SwissProt. Её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. | демонстрация студентом приёмов работы с базой данных. | 2 |
| Тема 8.3 | База данных Ensembl, её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. | Освоение основных приёмов работы с базой данных Ensembl. Её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. | демонстрация студентом приёмов работы с базой данных. | 2 |

## Применение электронного обучения, дистанционных образовательных технологий

При реализации программы учебной дисциплины электронное обучение и дистанционные образовательные технологии не применяются.

# РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ, КРИТЕРИИ ОЦЕНКИ УРОВНЯ СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ, СИСТЕМА И ШКАЛА ОЦЕНИВАНИЯ

## Соотнесение планируемых результатов обучения с уровнями сформированности компетенций.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Уровни сформированности компетенций** | **Итоговое количество баллов****в 100-балльной системе****по результатам текущей и промежуточной аттестации** | **Оценка в пятибалльной системе****по результатам текущей и промежуточной аттестации** | **Показатели уровня сформированности**  |
| **универсальных** **компетенции(-й)** | **общепрофессиональной(-ых) компетенций** | **профессиональной(-ых)****компетенции(-й)** |
|  | ОПК-3ИД-ОПК-3.1ИД-ОПК-3.2 |  |
| высокий | 85 – 100 | отлично/зачтено (отлично)/зачтено |  | Обучающийся:* исчерпывающе и логически стройно излагает учебный материал, умеет связывать теорию с практикой, справляется с решением задач профессиональной направленности высокого уровня сложности, правильно обосновывает принятые решения;
* показывает творческие способности в понимании, изложении и практическом использовании математических методов биоинформатики;
* дополняет теоретическую информацию сведениями исследовательского характера;
* свободно ориентируется в учебной и профессиональной литературе;
* дает развернутые, исчерпывающие, профессионально грамотные ответы на вопросы, в том числе, дополнительные.
 |  |
| повышенный | 65 – 84 | хорошо/зачтено (хорошо)/зачтено |  | Обучающийся:* достаточно подробно, грамотно и по существу излагает изученный материал, приводит и раскрывает в тезисной форме основные понятия;
* анализирует и решает поставленные задачи среднего уровня сложности с незначительными пробелами;
* допускает единичные негрубые ошибки;
* достаточно хорошо ориентируется в учебной и профессиональной литературе;
* ответ отражает знание теоретического и практического материала, не допуская существенных неточностей.
 |  |
| базовый | 41 – 64 | удовлетворительно/зачтено (удовлетворительно)/зачтено |  | Обучающийся:* демонстрирует теоретические знания основного учебного материала дисциплины в объеме, необходимом для дальнейшего освоения ОПОП;
* с затруднениями прослеживает логику предмета, опираясь на нечёткие представления;
* демонстрирует фрагментарные знания основной учебной литературы по дисциплине;
* ответ отражает знания на базовом уровне теоретического и практического материала в объеме, необходимом для дальнейшей учебы и предстоящей работы по профилю обучения.
 |  |
| низкий | 0 – 40 | неудовлетворительно/не зачтено | Обучающийся:* демонстрирует фрагментарные знания теоретического и практического материал, допускает грубые ошибки при его изложении на занятиях и в ходе промежуточной аттестации;
* испытывает серьёзные затруднения в применении теоретических положений при решении практических задач профессиональной направленности стандартного уровня сложности, не владеет необходимыми для этого навыками и приёмами;
* не способен проанализировать поставленную задачу и решить её;
* выполняет задания только по образцу и под руководством преподавателя;
* ответ отражает отсутствие знаний на базовом уровне теоретического и практического материала в объеме, необходимом для дальнейшей учебы.
 |

# ОЦЕНОЧНЫЕ СРЕДСТВА ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ, ВКЛЮЧАЯ САМОСТОЯТЕЛЬНУЮ РАБОТУ ОБУЧАЮЩИХСЯ

При проведении контроля самостоятельной работы обучающихся, текущего контроля и промежуточной аттестации по учебной дисциплине «Биоинформатика» проверяется уровень сформированности у обучающихся компетенций и запланированных результатов обучения по дисциплине*,* указанных в разделе 2 настоящей программы.

## Формы текущего контроля успеваемости, примеры типовых заданий:

| **№ пп** | **Формы текущего контроля** | * + - 1. **Примеры типовых заданий**
 |
| --- | --- | --- |
| 1 | Деловая игра по темам «Выравнивание генетических последовательностей», «Вторичные структуры РНК», «Согласование филогенетических деревьев»  | 1. Студентам даётся набор участков ДНК, требуется построить их глобальное множественное выравнивание. Побеждает тот, у кого построено выравнивание максимального качества.2. Студентам даётся набор участков ДНК, требуется построить их локальное множественное выравнивание. Побеждает тот, у кого построено выравнивание максимального качества.3. Студентам даётся последовательность РНК, требуется указать вторичную структуру на ней. Побеждает тот, у кого вторичная структура имеет наибольшее качество.4. Студентам даётся два филогенетических дерева, требуется построить вложение первого во второе. Побеждает тот, у кого вложение имеет наибольшее качество.5. Студентам даётся набор филогенетических деревьев, требуется построить по нему супердерево.Побеждает тот, у кого оно имеет наибольшее качество. |
| 2 | Тест №1, кейс-заданиепо теме «согласование филогенетических деревьев» | 1. Программирование построения канонического вложения дерева генов в дерево видов.2. Программирование построения вложения дерева видов в дерево генов с горизонтальными переносами. 3. Программирование построения супердерева по набору филогенетических деревьев. 4. Программирование бинаризации небинарного филогенетического дерева.5. Программирование реконструкции предковых состояний на филогенетическом дереве. |
| 3 | Реферат по теме «Секвенирование и сборка геномов» | Темы рефератов: «История методов секвенирования», «Основные методов секвенирования», «Принципы работы современных секвенаторов», «История методов сборки генома», «Основные методы сборки генома».  |
| 4 | Контрольная работа по теме «Поиск образцов в геноме» | Вариант 11. Построить дерево данного набора образцов и провести по нему поиск этих образцов в данной последовательности ДНК. Образцы: ATTC, ATAA, AATT, ATATC, ATT; последовательность: ATATACAATACATATAAATTATT.2. Построить суффиксное дерево данной последовательности ДНК и провести по нему поиск данного образца в ней. Последовательность: ACCGCTCAACCGCTCA; образец: CTCA.3. Построить суффиксное дерево данного набора последовательностей ДНК и провести по нему поиск общего фрагмента максимальной длины в них. Последовательности: ATTAATT, CTCTTAAC, TAATTAA.Вариант 2 1. Построить дерево данного набора образцов и провести по нему поиск этих образцов в данной последовательности ДНК. Образцы: CTTA, AATA, TTAA, CTATA, TTA; последовательность: TTATTAAATATACATAACATATA2. Построить суффиксное дерево данной последовательности ДНК и провести по нему поиск данного образца в ней. Последовательность: ACTCGCCAACTCGCCA; образец: ACTC.3. Построить суффиксное дерево данного набора последовательностей ДНК и провести по нему поиск общего фрагмента максимальной длины в них. Последовательности: TTAATTA, CAATTCTC, AATTAAT. |
| 5 | Тест по теме «Филогенетические деревья» | Вариант 1 **1. Филогенетическое дерево используется для**1. определения эволюционной близости видов2. быстрого поиска заданного образца в геноме3. сборки генома**Верный ответ: 1****2. В корневом филогенетическом дереве каждая вершина имеет**1. не более двух родителей2. не менее одного родителя3. не более одного родителя**Верный ответ: 3****3. В корневом бинарном филогенетическом дереве каждая вершина имеет**1. не менее двух сыновей2. не более двух сыновей3. не более трёх сыновей**Верный ответ: 2**Вариант 2 **1. В бескорневом бинарном филогенетическом дереве каждая вершина имеет**1. не менее двух смежных вершин2. не более двух смежных вершин3. не более трёх смежных вершин**Верный ответ: 3****2. Какое из перечисленных событий наиболее редкое?**1. горизонтальный перенос гена2. дупликация гена3. потеря гена**Верный ответ: 1****3. Супердерево – это**1. дерево, имеющее самое большое число листьев2. дерево, построенное самым надёжным методом3. дерево, наиболее близкое в среднем к данному набору деревьев**Верный ответ: 3** |

## Критерии, шкалы оценивания текущего контроля успеваемости:

| **Наименование оценочного средства (контрольно-оценочного мероприятия)** | **Критерии оценивания** | **Шкалы оценивания** |
| --- | --- | --- |
| **100-балльная система** | **Пятибалльная система** |
| Деловая игра | Обучающийся в процессе решения проблемной ситуации (игры) продемонстрировал глубокие знания дисциплины, сущности проблемы, были даны логически последовательные, содержательные, полные, правильные и конкретные ответы на все вопросы; даны рекомендации по использованию данных в будущем для аналогичных ситуаций. | 12 – 15 баллов | 5 |
| Обучающийся правильно рассуждает и принимает обоснованные верные решения, однако, имеются незначительные неточности, представлен недостаточно полный выбор методов (в части обоснования); | 9 – 11 баллов | 4 |
| Обучающийся слабо ориентируется в материале, в рассуждениях не демонстрирует логику ответа, плохо владеет профессиональной терминологией, не раскрывает суть проблемы и не предлагает конкретного ее решения.Обучающийся не принимал активного участия в работе группы, выполнившей задание на «хорошо» или «отлично». | 5 – 8 баллов | 3 |
| Обучающийся не принимал участие в работе группы.Группа не справилась с заданием на уровне, достаточном для проставления положительной оценки. | 0 - 4 баллов | 2 |
| Домашняя работа | Работа выполнена полностью. Нет ошибок в логических рассуждениях. Возможно наличие одной неточности или описки, не являющиеся следствием незнания или непонимания учебного материала. Обучающийся показал полный объем знаний, умений в освоении пройденных тем и применение их на практике. | 9-12 баллов | 5 |
| Работа выполнена полностью, но обоснований шагов решения недостаточно. Допущена одна ошибка или два-три недочета. | 7-8 баллов | 4 |
| Допущены более одной ошибки или более двух-трех недочетов. | 4-6 баллов | 3 |
| Работа выполнена не полностью. Допущены грубые ошибки.  | 1-3 баллов | 2 |
| Работа не выполнена. | 0 баллов |
| Коллоквиум  | Дан полный, развернутый ответ на поставленный вопрос (вопросы), показана совокупность осознанных знаний об объекте, проявляющаяся в свободном оперировании понятиями, умении выделить существенные и несущественные его признаки, причинно-следственные связи. Обучающийся демонстрирует глубокие и прочные знания материала по заданным вопросам, исчерпывающе и последовательно, грамотно и логически стройно его излагает | 20 - 25 баллов | 5 |
| Дан полный, развернутый ответ на поставленный вопрос (вопросы), показана совокупность осознанных знаний об объекте, доказательно раскрыты основные положения дисциплины; в ответе прослеживается четкая структура, логическая последовательность, отражающая сущность раскрываемых понятий, теорий, явлений. Обучающийся твердо знает материал по заданным вопросам, грамотно и последовательно его излагает, но допускает несущественные неточности в определениях. | 16 - 20 баллов | 4 |
| Дан полный, но недостаточно последовательный ответ на поставленный вопрос (вопросы), но при этом показано умение выделить существенные и несущественные признаки и причинно-следственные связи. Ответ логичен и изложен в терминах науки. Обучающийся владеет знаниями только по основному материалу, но не знает отдельных деталей и особенностей, допускает неточности и испытывает затруднения с формулировкой определений. | 10 - 15 баллов | 3 |
| Дан недостаточно полный и недостаточно развернутый ответ. Логика и последовательность изложения имеют нарушения. Допущены ошибки в раскрытии понятий, употреблении терминов. Обучающийся не способен самостоятельно выделить существенные и несущественные признаки и причинно-следственные связи. Обучающийся способен конкретизировать обобщенные знания только с помощью преподавателя. Обучающийся обладает фрагментарными знаниями по теме коллоквиума, слабо владеет понятийным аппаратом, нарушает последовательность в изложении материала. | 6 - 9 баллов |
| Дан неполный ответ, представляющий собой разрозненные знания по теме вопроса с существенными ошибками в определениях. Присутствуют фрагментарность, нелогичность изложения. Обучающийся не осознает связь данного понятия, теории, явления с другими объектами дисциплины. Отсутствуют выводы, конкретизация и доказательность изложения. Речь неграмотная. Дополнительные и уточняющие вопросы преподавателя не приводят к коррекции ответа обучающегося не только на поставленный вопрос, но и на другие вопросы темы. | 2 - 5 баллов | 2 |
| Не получены ответы по базовым вопросам дисциплины. | 0 баллов |  |
| Не принимал участия в коллоквиуме.  | 0 баллов |  |
| Тест | За выполнение каждого тестового задания испытуемому выставляются баллы. Используется номинальная шкала оценивания.За правильный ответ к каждому заданию выставляется один балл, за не правильный — ноль. Оценивается всё задание в целом.При оценке всего теста:общая сумма баллов за все правильные ответы составляет наивысший балл, например, 20 баллов. В спецификации указывается общий наивысший балл по тесту. Также устанавливается диапазон баллов, которые необходимо набрать для того, чтобы получить отличную, хорошую, удовлетворительную или неудовлетворительную оценки. | 16 – 20 баллов | 5 | 85% - 100% |
| 13 – 15 баллов | 4 | 65% - 84% |
| 6 – 12 баллов | 3 | 41% - 64% |
| 0 – 5 баллов | 2 | 40% и менее 40% |
| Решение задач (заданий)  | Обучающийся демонстрирует грамотное решение всех задач, использование правильных методов решения при незначительных вычислительных погрешностях (арифметических ошибках);  | 13 – 15 баллов | 5 |
| Продемонстрировано использование правильных методов при решении задач при наличии существенных ошибок в 1-2 из них;  | 8 – 12 баллов | 4 |
| Обучающийся использует верные методы решения, но правильные ответы в большинстве случаев (в том числе из-за арифметических ошибок) отсутствуют; | 4 – 7 баллов | 3 |
| Обучающимся использованы неверные методы решения, отсутствуют верные ответы. | 0 – 3 баллов | 2 |

## Промежуточная аттестация:

|  |  |
| --- | --- |
| **Форма промежуточной аттестации** | **Типовые контрольные задания и иные материалы****для проведения промежуточной аттестации:** |
| Зачет: в устной форме по билетам | **Билет 1:**1. Глобальное выравнивание двух последовательностей. Вес выравнивания. Алгоритм выравнивания Нидлмана – Вунша. Матрицы замен аминокислот, серии матриц BLOSUM и PAM.2. Понятие суффиксного дерева. Поиск общего фрагмента максимальной длины в заданном множестве последовательностей ДНК с помощью суффиксного дерева. **Билет 2:**1. Локальное выравнивание двух последовательностей. Алгоритм Смита – Уотермана. Понятие ортологов, их поиск с помощью пакета программ BLAST. 2. Задача поиска консервативных участков в наборе последовательностей ДНК. Методы её решения.**Билет 3:**1. Выравнивание с учётом кратных делеций. Алгоритм выравнивания при аффинном штрафе за делеции.2. Суффиксные массивы, их построение. Применение суффиксных массивов в задачах поиска. |
| Зачет с оценкой:Письменное тестирование | **Вариант 1:**1. Филогенетические деревья, их виды. Задача согласования набора деревьев генов в единое дерево видов. Согласовать дерево генов: (((a',b'),((c',d'),(e',f'))),((g',h'),f'')) и дерево видов: (((a,b),(c,d)),((e,f),(g,h))).2. Геномные структуры, типы их перестроек. Задача сортировки участка хромосомы инверсиями. Схема алгоритма её решения. Найти кратчайшую последовательности инверсий, переводящих линейную хромосому H1=[–2,5,–3,6,8,7,9,–1,10,4] в линейную хромосому H2=[1,2,3,4,5,6,7,8,9,10].**Вариант 2:**1. Филогенетические деревья, их виды. Оптимальная бинаризация небинарного дерева генов относительно данного дерева видов. Провести бинаризацию небинарного дерева генов: ((a',b',c'),(d',e',f'),(f'',g',h')) относительно данного дерева видов: (((a,b),(c,d)),((e,f),(g,h))).2. Геномные структуры, типы их перестроек. DCJ-операции над структурами. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную геномную структуру в другую. Найти кратчайшую последовательность двойных переклеек, преобразующих геномную структуру S1={(1,–7,–6,–3,–5,–4,–2)} в структуру S2={(1,3,4); (6,–2,5,–7)}.**Вариант 3:**1. Филогенетические деревья, их виды. Выравнивание двух филогенетических деревьев друг с другом. Вес выравнивания, его смысл. Выровнять деревья (((a,b),(c,d)),(e,f)) и ((a,b),((c,d),(e,f))).2. Задача секвенирования ДНК и сборки фрагментов. Граф де Брюйна и его применение для сборки фрагментов ДНК. Провести сборку кольцевой хромосомы из следующих первичных фрагментов (в скобках указано число вхождений фрагмента в хромосому, когда оно больше 1): CGAA, GAAC, AACG(3), ACGT(3), CGTT, GTTA, TTAA, TAAC(2), CGTA, GTAA, CGTC, GTCG, TCGA. Найти два возможных решения. |

## Критерии, шкалы оценивания промежуточной аттестации учебной дисциплины:

| **Форма промежуточной аттестации** | **Критерии оценивания** | **Шкалы оценивания** |
| --- | --- | --- |
| **Наименование оценочного средства** | **100-балльная система** | **Пятибалльная система** |
| Зачет:устный опрос | Обучающийся знает основные определения, последователен в изложении материала, демонстрирует базовые знания дисциплины, владеет необходимыми умениями и навыками при выполнении практических заданий. |  | зачтено |
| Обучающийся не знает основных определений, непоследователен и сбивчив в изложении материала, не обладает определенной системой знаний по дисциплине, не в полной мере владеет необходимыми умениями и навыками при выполнении практических заданий. |  | не зачтено |
| Зачет с оценкой:письменное тестирование  | За выполнение каждого тестового задания испытуемому выставляются баллы. Используется порядковая шкала оценивания.За каждое задание устанавливается максимальное количество баллов, например, три. Три балла выставляются за все верные выборы в одном задании, два балла - за одну ошибку, один - за две ошибки, ноль — за полностью неверный ответ.Правила оценки всего теста:общая сумма баллов за все правильные ответы составляет наивысший балл, например, 20 баллов. В спецификации указывается общий наивысший балл по тесту. Также устанавливается диапазон баллов, которые необходимо набрать для того, чтобы получить отличную, хорошую, удовлетворительную или неудовлетворительную оценки. |  | 5 | 85% - 100% |
|  | 4 | 65% - 84% |
|  | 3 | 41% - 64% |
|  | 2 | 40% и менее 40% |
| Зачет с оценкой:в устной форме по билетам | Обучающийся:* демонстрирует знания, отличающиеся глубиной и содержательностью, дает полный исчерпывающий ответ, как на основные вопросы билета, так и на дополнительные;
* свободно владеет научными понятиями, ведет диалог и вступает в научную дискуссию;
* способен к интеграции знаний по определенной теме, структурированию ответа, к анализу положений существующих теорий, научных школ, направлений по вопросу билета;
* логично и доказательно раскрывает проблему, предложенную в билете;
* свободно выполняет практические задания повышенной сложности, предусмотренные программой, демонстрирует системную работу с основной и дополнительной литературой.

Ответ не содержит фактических ошибок и характеризуется глубиной, полнотой, уверенностью суждений, иллюстрируется примерами, в том числе из собственной практики. |  | 5 |
| Обучающийся:* показывает достаточное знание учебного материала, но допускает несущественные фактические ошибки, которые способен исправить самостоятельно, благодаря наводящему вопросу;
* недостаточно раскрыта проблема по одному из вопросов билета;
* недостаточно логично построено изложение вопроса;
* успешно выполняет предусмотренные в программе практические задания средней сложности, активно работает с основной литературой,
* демонстрирует, в целом, системный подход к решению практических задач, к самостоятельному пополнению и обновлению знаний в ходе дальнейшей учебной работы и профессиональной деятельности.

В ответе раскрыто, в основном, содержание билета, имеются неточности при ответе на дополнительные вопросы. |  | 4 |
| Обучающийся:* показывает знания фрагментарного характера, которые отличаются поверхностностью и малой содержательностью, допускает фактические грубые ошибки;
* не может обосновать закономерности и принципы, объяснить факты, нарушена логика изложения, отсутствует осмысленность представляемого материала, представления о межпредметных связях слабые;
* справляется с выполнением практических заданий, предусмотренных программой, знаком с основной литературой, рекомендованной программой, допускает погрешности и ошибки при теоретических ответах и в ходе практической работы.

Содержание билета раскрыто слабо, имеются неточности при ответе на основные и дополнительные вопросы билета, ответ носит репродуктивный характер. Неуверенно, с большими затруднениями решает практические задачи или не справляется с ними самостоятельно. |  | 3 |
| Обучающийся, обнаруживает существенные пробелы в знаниях основного учебного материала, допускает принципиальные ошибки в выполнении предусмотренных программой практических заданий. На большую часть дополнительных вопросов по содержанию экзамена затрудняется дать ответ или не дает верных ответов. |  | 2 |

## Система оценивания результатов текущего контроля и промежуточной аттестации.

Оценка по дисциплине выставляется обучающемуся с учётом результатов текущей и промежуточной аттестации.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Форма контроля** | **100-балльная система**  | **Пятибалльная система** |
| Текущий контроль:  |  |  |
|  - опрос | 0 - 5 баллов | 2 – 5 или зачтено/не зачтено |
| - коллоквиум | 0 - 15 баллов | 2 – 5 или зачтено/не зачтено |
|  - участие в дискуссии на семинаре | 0 - 10 баллов | 2 – 5 или зачтено/не зачтено |
|  - контрольная работа | 0 - 20 баллов | 2 – 5 или зачтено/не зачтено |
| Промежуточная аттестация: по результатам контрольных работ, домашних заданий, устных опросов | 0 - 30 баллов | отличнохорошоудовлетворительнонеудовлетворительнозачтеноне зачтено |
| **Итого за семестр** Зачёт или зачёт с оценкой  | 0 - 100 баллов |

* + - 1. Полученный совокупный результат конвертируется в пятибалльную систему оценок в соответствии с таблицей:

|  |  |
| --- | --- |
| **100-балльная система** | **пятибалльная система** |
| **зачет с оценкой/экзамен** | **зачет** |
| 85 – 100 баллов | отличнозачтено (отлично) | зачтено |
| 65 – 84 баллов | хорошозачтено (хорошо) |
| 41 – 64 баллов | удовлетворительнозачтено (удовлетворительно) |
| 0 – 40 баллов | неудовлетворительно | не зачтено |

# ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

* + - 1. Реализация программы предусматривает использование в процессе обучения следующих образовательных технологий:
		- проблемная лекция;
		- поиск и обработка информации с использованием сети Интернет;
		- использование на лекционных занятиях наглядных пособий;
		- технологии с использованием деловых игр.

# ПРАКТИЧЕСКАЯ ПОДГОТОВКА

* + - 1. Практическая подготовка в рамках учебной дисциплины реализуется при проведении практических занятий, предусматривающих участие обучающихся в выполнении отдельных элементов работ, связанных с будущей профессиональной деятельностью.
			2. Проводятся отдельные занятия лекционного типа, которые предусматривают передачу учебной информации обучающимся, которая необходима для последующего выполнения практической работы.

# ОРГАНИЗАЦИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ДЛЯ ЛИЦ С ОГРАНИЧЕННЫМИ ВОЗМОЖНОСТЯМИ ЗДОРОВЬЯ

* + - 1. При обучении лиц с ограниченными возможностями здоровья и инвалидовиспользуются подходы, способствующие созданию безбарьерной образовательной среды: технологии дифференциации и индивидуального обучения, применение соответствующих методик по работе с инвалидами, использование средств дистанционного общения, проведение дополнительных индивидуальных консультаций по изучаемым теоретическим вопросам и практическим занятиям, оказание помощи при подготовке к промежуточной аттестации.
			2. При необходимости рабочая программа дисциплины может быть адаптирована для обеспечения образовательного процесса лицам с ограниченными возможностями здоровья, в том числе для дистанционного обучения.
			3. Учебные и контрольно-измерительные материалы представляются в формах, доступных для изучения студентами с особыми образовательными потребностями с учетом нозологических групп инвалидов:
			4. Для подготовки к ответу на практическом занятии, студентам с ограниченными возможностями здоровья среднее время увеличивается по сравнению со средним временем подготовки обычного студента.
			5. Для студентов с инвалидностью или с ограниченными возможностями здоровья форма проведения текущей и промежуточной аттестации устанавливается с учетом индивидуальных психофизических особенностей (устно, письменно на бумаге, письменно на компьютере, в форме тестирования и т.п.).
			6. Промежуточная аттестация по дисциплине может проводиться в несколько этапов в форме рубежного контроля по завершению изучения отдельных тем дисциплины. При необходимости студенту предоставляется дополнительное время для подготовки ответа на зачете или экзамене.
			7. Для осуществления процедур текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся создаются, при необходимости, фонды оценочных средств, адаптированные для лиц с ограниченными возможностями здоровья и позволяющие оценить достижение ими запланированных в основной образовательной программе результатов обучения и уровень сформированности всех компетенций, заявленных в образовательной программе.

# МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

* + - 1. Материально-техническое обеспечение дисциплины при обучении с использованием традиционных технологий обучения.

| **Наименование учебных аудиторий, лабораторий, мастерских, библиотек, спортзалов, помещений для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования и т.п.** | **Оснащенность учебных аудиторий, лабораторий, мастерских, библиотек, спортивных залов, помещений для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования и т.п.** |
| --- | --- |
| **119071, г. Москва, Малый Калужский переулок, дом 1, строение 2** |
| аудитории для проведения занятий лекционного типа | комплект учебной мебели, технические средства обучения, служащие для представления учебной информации большой аудитории: * ноутбук;
* проектор;
* проекционный экран.
 |
| аудитории для проведения практических занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации | комплект учебной мебели, технические средства обучения, служащие для представления учебной информации большой аудитории: * ноутбук;
* проектор;
* проекционный экран;
* персональные компьютеры для обучающихся.
 |
| **Помещения для самостоятельной работы обучающихся** | **Оснащенность помещений для самостоятельной работы обучающихся** |
| читальный зал библиотеки | * компьютерная техника;

подключение к сети Интернет. |

# УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **№ п/п** | **Автор(ы)** | **Наименование издания** | **Вид издания (учебник, УП, МП и др.)** | **Издательство** | **Год****издания** | **Адрес сайта ЭБС** **или электронного ресурса**  | **Количество экземпляров в библиотеке Университета**  |
| 10.1 Основная литература, в том числе электронные издания |
| 1 | Э. МакКонки. - Пер. с англ. Н.Н. Хромова-Борисова. | Геном человека | Учебник | М.: Техносфера | 2008 | [http://biblio.mgudt.ru](http://biblio.mgudt.ru/) | 10 |
| 2 | Константинов В.М.  | Биология  | Учебник | М.: Академия | 2013 | [http://biblio.mgudt.ru](http://biblio.mgudt.ru/) | 20 |
| 3 | Сивоглазов В И. | Общая биология. Базовый курс | Учебное пособие | М.: Дрофа | 2013 | [http://biblio.mgudt.ru](http://biblio.mgudt.ru/) | 10 |
| 10.2 Дополнительная литература, в том числе электронные издания |
| 1 | Кемп П. | Введение в биологию. | Учебник | М.: Мир | 1988 | [http://biblio.mgudt.ru](http://biblio.mgudt.ru/) | 5 |
| 2 | Тупикин Е. И. | Общая биология с основами экологии и природоохранной деятельности | Учебное пособие | М.: Профобриздат | 2001 | [http://biblio.mgudt.ru](http://biblio.mgudt.ru/) | 3 |
| 3 | Рис Э. | От клеток к атомам: иллюстрированное введение в молекулярную биологию | Учебник | М.: Мир | 1988 | [http://biblio.mgudt.ru](http://biblio.mgudt.ru/) | 7 |
| 10.3 Методические материалы (указания, рекомендации по освоению дисциплины (модуля) авторов РГУ им. А. Н. Косыгина) |
| 1 | Васильева Н.Ю. | Биоинформатика. Методические указания  | Методические указания | Утверждено на заседании кафедры протокол № 3от 02.02.18 | 2013 | ЭИОС | 5 |

# ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ УЧЕБНОГО ПРОЦЕССА

## Ресурсы электронной библиотеки, информационно-справочные системы и профессиональные базы данных:

|  |  |
| --- | --- |
| **№ пп** | **Электронные учебные издания, электронные образовательные ресурсы** |
|  | ЭБС «Лань» <http://www.e.lanbook.com/> |
|  | «Znanium.com» научно-издательского центра «Инфра-М»<http://znanium.com/>  |
|  | Электронные издания «РГУ им. А.Н. Косыгина» на платформе ЭБС «Znanium.com» <http://znanium.com/> |
|  | Образовательная платформа «Юрайт» <https://urait.ru/>  |
|  | Электронные ресурсы «Polpred.com Обзор СМИ» <https://www.polpred.com/>  |
|  | Электронные ресурсы «Национальной электронной библиотеки» («НЭБ») <https://rusneb.ru/>  |
|  | **Профессиональные базы данных, информационные справочные системы** |
|  | Информационно-аналитическая система SCIENCE INDEX (включенная в научный информационный ресурс eLIBRARY.RU) <https://www.elibrary.ru/>  |
|  | База данных Springer eBooks Collections издательства Springer Nature. Платформа Springer Link: <https://rd.springer.com/>  |
|  | Электронный ресурс Freedom Collection издательства Elsevier <https://sciencedirect.com/>  |
|  | База данных научного цитирования Scopus издательства Elsevier <https://www.scopus.com/>  |
|  | База данных ORBIT IPBI (Platinum Edition) компании Questel SAS <https://www.orbit.com/>  |
|  | База данных Web of Science компании Clarivate Analytics <https://www.webofscience.com/wos/woscc/basic-search>  |
|  | Базе данных CSD-Enterprise компании The Cambridge Crystallographic Data Center <https://www.ccdc.cam.ac.uk/>  |
|  | Научная электронная библиотека «elibrary.ru» <https://www.elibrary.ru/>  |
|  | База данных издательства SpringerNature <https://link.springer.com/> <https://www.springerprotocols.com/> <https://materials.springer.com/> [https://link.springer.com/search?facet-content-type=%ReferenceWork%22](https://link.springer.com/search?facet-content-type=%25ReferenceWork%22) <http://zbmath.org/> <http://npg.com/>  |

## Перечень программного обеспечения

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **№п/п** | **Программное обеспечение** | **Реквизиты подтверждающего документа/ Свободно распространяемое** |
|  | Windows 10 Pro, MS Office 2019  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | PrototypingSketchUp: 3D modeling for everyone | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | V-Ray для 3Ds Max  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | NeuroSolutions  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Wolfram Mathematica  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Microsoft Visual Studio  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | CorelDRAW Graphics Suite 2018  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Mathcad  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Matlab+Simulink  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019. |
|  | Adobe Creative Cloud 2018 all Apps (Photoshop, Lightroom, Illustrator, InDesign, XD, Premiere Pro, Acrobat Pro, Lightroom Classic, Bridge, Spark, Media Encoder, InCopy, Story Plus, Muse и др.)  | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | SolidWorks | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Rhinoceros | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Simplify 3D | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | FontLаb VI Academic | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | Pinnacle Studio 18 Ultimate | контракт № 18-ЭА-44-19 от 20.05.2019 |
|  | КОМПАС-3d-V 18 | контракт № 17-ЭА-44-19 от 14.05.2019 |
|  | Project Expert 7 Standart | контракт № 17-ЭА-44-19 от 14.05.2019 |
|  | Альт-Финансы | контракт № 17-ЭА-44-19 от 14.05.2019 |
|  | Альт-Инвест  | контракт № 17-ЭА-44-19 от 14.05.2019 |
|  | Программа для подготовки тестов Indigo | контракт № 17-ЭА-44-19 от 14.05.2019 |
|  | Диалог NIBELUNG | контракт № 17-ЭА-44-19 от 14.05.2019 |

### ЛИСТ УЧЕТА ОБНОВЛЕНИЙ РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЫ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

В рабочую программу учебной дисциплины внесены изменения/обновления и утверждены на заседании кафедры:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **№ пп** | **год обновления РПД** | **характер изменений/обновлений** **с указанием раздела** | **номер протокола и дата заседания** **кафедры** |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |