



МИНОБРНАУКИ РОССИИ

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования

«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

ФГБОУ ВО «ИГУ»

Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

УТВЕРЖДАЮ

Декан биолого-почвенного факультета
А. Н. Матвеев

« 24 » 03 2023 г.

Рабочая программа дисциплины

Наименование дисциплины: Б1.В.4 «ОСНОВЫ БИОИНФОРМАТИКИ»

Направление подготовки: 06.03.01 «Биология»

Направленность (профиль) подготовки: «Физико-химическая биология и биотехнология»

Квалификация выпускника: Бакалавр

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биолого-почвенного
факультета
Протокол № 5 от 24.03.2023
Председатель _____ А. Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой:
Протокол № 12 от 20.02.2023
Зав. кафедрой _____ В.П. Саловарова

Иркутск 2023 г.

Содержание

	стр.
I. Цель и задачи дисциплины	3
II. Место дисциплины в структуре ОПОП	3
III. Требования к результатам освоения дисциплины	3
IV. Содержание и структура дисциплины	5
4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов	5
4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине	6
4.3 Содержание учебного материала	7
4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ	10
4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение в рамках самостоятельной работы студентов	10
4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов	11
4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов)	11
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины	12
а) перечень литературы	12
б) периодические издания	12
в) список авторских методических разработок	15
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы	15
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины	14
6.1. Учебно-лабораторное оборудование	14
6.2. Программное обеспечение	14
6.3. Технические и электронные средства обучения	15
VII. Образовательные технологии	15
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации	15

I. Цель и задачи дисциплины:

Цель: Ознакомить студентов с современными представлениями о предмете, объектах, основных концепциях информационной биологии, методах и алгоритмах получения, представления и анализа данных в биоинформатике.

Задачи:

- рассмотреть основополагающие сведения о содержании и возможностях информационной биологии (биоинформатики);
- изучить понятийный аппарат и методологическую базу информационной биологии;
- освоить на практике базовые методы биоинформатики, включая работу с молекулярными базами данных, выравнивание последовательностей и молекулярную визуализацию;
- изучить возможности приложения методов информационной биологии, в том числе, теоретического анализа и компьютерного моделирования, к решению фундаментальных и прикладных проблем современной биологии, медицины, фармакологии и экологии;
- сформировать навыков использования сетевых технологий для эффективного поиска, передачи и обработки научной информации.

II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО

2.1. Учебная дисциплина Б1.В.4 «Основы биоинформатики» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений обязательной части. Изучается на 3 курсе во втором семестре.

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами бакалавриата («Математика», «Химия», «Общая биология», «Биохимия», «Молекулярная биология», «Основы физико-химической биологии», «Математические методы в биологии»).

2.3. Перечень последующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: «Биотехнология», «Большой практикум», «Геномные и постгеномные технологии», «Моделирование и программирование биопроцессов», «Современные биомедицинские технологии», выполнение ВКР.

III. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Процесс освоения дисциплины направлен на формирование компетенции в соответствии с ФГОС ВО и ОП ВО по данному направлению подготовки 06.03.01 «Биология»:

ПК-1: Способен осуществлять научно-исследовательскую деятельность по решению фундаментальных и прикладных задач в области физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин.

Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с индикаторами достижения компетенций

Компетенция	Индикаторы компетенций	Результаты обучения
ПК-1 Способен осуществлять научно-исследовательскую	ИДК ПК 1.1 Знает перспективы междисциплинарных исследований, основные понятия, идеи, достижения и	Знать: основные аппаратные и программные средства реализации биоинформационных технологий; принципы работы с молекулярно-

<p>деятельность по решению фундаментальных и прикладных задач в области физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин.</p>	<p>современные направления развития физико-химической биологии, биотехнологии, биоинформатики и смежных дисциплин, основные методологические подходы и методы решения задач по тематике научных исследований.</p>	<p>биологическими базами данных и с обслуживающими их приложениями Уметь: использовать полученные знания и навыки для решения профессиональных задач Владеть: методами и средствами анализа молекулярно-биологической информации</p>
	<p><i>ИДК ПК 1.2</i> Умеет использовать в профессиональной деятельности современные представления о процессах жизнедеятельности на всех уровнях организации биологических систем, правильно ставить задачи исследования, обосновывать актуальность, новизну, теоретическую и практическую значимость исследования, выбирать и применять классические и современные методы, прогнозировать перспективы дальнейших исследований</p>	<p>Знать: методы эффективного поиска, обработки и анализа информации о структуре и функциях биополимеров Уметь: осуществить выбор наиболее оптимального информационно-вычислительного метода исследования в зависимости от поставленной задачи. Владеть: навыками работы с биологическими базами данных и обслуживающими их приложениями</p>
	<p><i>ИДК ПК 1.3</i> Владеет логикой и терминологическим аппаратом научного исследования, приемами организации работы по сбору, анализу, проведению научных исследований биосистем с использованием соответствующих методов, прикладного ПО и баз данных.</p>	<p>Знать: новейшие достижения в области биоинформатики и перспективы их практического и теоретического использования Уметь: организовывать поиск информации в базах данных и использовать возможности программных средств и сетевых технологий для молекулярно-биологических исследований Владеть: базовыми пакетами прикладных программ для анализа структуры и последовательной макромолекул</p>

IV. СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Объем дисциплины составляет 4 зачетных единицы, 144 часа, в том числе 26 часов на экзамен.

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий не менее 20% часов от аудиторной работы (14 часов)

Форма промежуточной аттестации: экзамен.

4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов

№ п/п	Раздел дисциплины/тема	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)				Форма текущего контроля успеваемости/ Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися			Самостоятельная работа	
					Лекция	Семинар/ Практическое, лабораторное занятие/	Консультация		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	Тема 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	6	6		2	2		2	Контрольные вопросы
2	Тема 2. Основные инструменты биоинформатики.	6	10		4	2		4	Контрольные вопросы Практические задания
3	Тема 3. Лабораторные методы структурно-функциональных исследований нуклеиновых кислот и белков	6	12		4	4		4	Контрольные вопросы Доклады
4	Тема 4. Базы данных в биоинформатике	6	22		6	8		8	Контрольные вопросы Практические задания

5	Тема 5. Выравнивание последовательностей	6	31		8	8	0,5	15	Контрольные вопросы Практические задания
6	Тема 6. Гомология, филогения и эволюционные деревья	6	24		8	8	0,5	8	Контрольные вопросы Практические задания

4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
6	Тема 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	Подготовка к опросу	1	2	Контрольные вопросы	Раздел 5 а-г
6	Тема 2. Основные инструменты биоинформатики.	Подготовка к опросу Выполнение отчетов по практическим заданиям	2	4	Контрольные вопросы Отчет по ПР	- « -
6	Тема 3. Лабораторные методы структурно-функциональных исследований нуклеиновых кислот и белков	Подготовка к опросу Подготовка докладов	3-4	4	Контрольные вопросы Доклад	- « -
6	Тема 4. Базы данных в биоинформатике	Подготовка к опросу Выполнение отчетов по практическим заданиям	5-8	8	Контрольные вопросы Отчет по ПР	- « -
6	Тема 5. Выравнивание последовательностей	Подготовка к опросу Выполнение отчетов по практическим заданиям	9-13	15	Контрольные вопросы Отчет по ПР	- « -
6	Тема 6. Гомология, филогения и эволюционные деревья	Подготовка к опросу Выполнение отчетов по практическим заданиям Подготовка к промежуточному тестированию	14-16	8	Контрольные вопросы Отчет по ПР Тест	- « -
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – 41						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий (час) - 41						

4.3 Содержание учебного материала

Тема 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики

Биоинформатика как информационные технологии в приложении к управлению биологическими данными и их анализу. Геномика и протеомика. Предпосылки возникновения и развития биоинформатики. Развитие методов расшифровки последовательностей биополимеров – исторический аспект. Работы Ф. Сэнгера и Эдмана. Реакции обрыва цепи и химического расщепления. Полимеразная цепная реакция. Технологии автоматизированной регистрации результатов секвенирования. Закон Мура и эффективность секвенирования. Динамика накопления информации в базах данных последовательностей. Проект «Геном человека».

Цели и задачи биоинформатики. Предмет биоинформатики. Прикладное значение биоинформатики: анализ гомологичности последовательностей; анализ экспрессии генов; разработка лекарственных препаратов; функции прогноза.

Тема 2. Основные инструменты биоинформатики.

Компьютер и компьютерная программа. Программное обеспечение. Языки программирования - HyperText Markup Language, Java Script, Java, PERL (Practical Extraction and Reporting Language), BSML (Bioinformatic Sequence Markup Language), BIOML (Biopolymer Markup Language). Операционные системы - BIOS, DOS, Windows, Unix.

Интернет. Сетевые протоколы - UUCP (Unix to Unix Copy Protocol), POP (Post Office Protocol), FTP (File Transfer Protocol), TELNET (TELEcommunication NETwork), Transmission Control Protocol / Internet Protocol (TCP/IP), HTTP (Hyper Text Transfer Protocol). История современного Интернета. ARPAnet. BITnet. IP-адреса и доменные номера. Виды подключения к Интернет. Всемирная паутина (World Wide Web) как информационная система, построенная на принципе гиперсреды. Веб-страницы и веб-узлы. Объектная сеть. Object Request Broker (ORB). Зеркала и Интранет.

Программы-обозреватели (браузеры): Lynx, Mosaic, Netscape Navigator, Internet Explorer, Opera, Mozilla. Гиперссылки. URL — Uniform Resource Locator. HyperText Markup Language (HTML). Extensible Markup Language (XML). Database Management System (DBMS).

Наиболее важные биоинформационные WWW-ресурсы. EMBnet (European Molecular Biology net). Центры и узлы. HNational Center for Biotechnology Information (NCBI) и сервисная программа Entrez. Выборка и применение информации.

Тема 3. Лабораторные методы структурно-функциональных исследований нуклеиновых кислот и белков

Цели анализа последовательностей. «Омик» - революция: новая парадигма в биологии. Геномика – структурная, функциональная и сравнительная. Протеом и протеомика. Значение геномики и протеомики для анализа последовательностей и структур.

Методы картографирования генома: генетические карты, физические карты хромосом и секвенсовые карты. Основные технические подходы к секвенированию ДНК. Ферменты рестрикции, создание и клонирование гибридных молекул ДНК, амплификацией генов *in vivo* и *in vitro*, кДНК-синтез. Секвенирование с обрывом цепи (метод Сенгера). Секвенирование последовательности клона. Ярлыки экспрессируемых последовательностей (EST) – назначение и принцип. Методы секвенирования белков – прямой и косвенный метод. Определение пространственной структуры белка. Практические методы - рентгеноструктурный анализ и ЯМР-спектроскопия.

Анализ экспрессии генов. Нозерн- и Вестерн-блоттинг. Серийный анализ экспрессии генов (SAGE - Serial Analysis of Gene Expression). ДНК – чипы. Анализ экспрессии белков. Двумерный электрофорез в полиакриламидном геле.

Тема 4. Базы данных в биоинформатике

База данных (БД) - функции и классификация. Реляционные, иерархические и сетевые базы данных. Первичные, вторичные и смешанные базы данных. Избыточные и безизбыточные базы данных. Раритетные базы данных. Записи базы данных.

Система управления базами данных (СУБД). Компоненты и функции СУБД. Типы СУБД – иерархические и реляционные. Язык структурированных запросов (SQL).

Современные тенденции в структурировании БД. Обзор основных биоинформационных БД. Многоцелевые базы данных последовательностей нуклеиновых кислот. EMBL (European Molecular Biology Laboratory). DDBJ (DNA DataBank of Japan). GenBank. GSDB (Genome Sequence DataBase). Ensemble. Специализированные БД последовательностей НК: SGD (Saccharomyces Genome Database), TDB (TIGR DataBase), EST. Базы данных белковых последовательностей. PIR (International Protein Sequence Database). БД UniProt, ее структура. Базы данных структур. PDB (Protein data base). MSD (Macromolecular Structure Database). SCOP (Structure classification of Protein). CATH (Class / Architecture / Topology / Homology). NDB (Nucleic Acid Database), CSD (Cambridge Structural Database). BMRB (BioMagResBank). Вторичные базы данных. Библиографические базы данных.. Виртуальная библиотека.

Тема 5. Выравнивание последовательностей

Основные понятия и определения. Выравнивание, его цели. Последовательность запроса и предметная последовательность. Счет подобия (выравнивания). Близость последовательностей. Типы выравнивания - глобальное и локальное. Отличительные особенности и область применения. Оптимальное и субоптимальное выравнивание. Общие принципы выравнивания. Критерии определения меры сходства. Понятие расстояния в информатике. Хеммингово расстояние и расстояние Левенштейна (редактирующее расстояние). Счет выравнивания и факторы, влияющие на него. Матрица процентов точечных мутаций (ПТМ). Процент точечных мутаций как единица эволюционного расхождения. Матрицы блочных замен аминокислот.

Методы попарного выравнивания последовательностей. Точечная матрица – принцип метода, область применения. Динамическое программирование. Алгоритмы Нидлмена-Вунша и Сми-та-Уотермена. Матрица переходов. Метод k-кортежей. Алгоритмы программы BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). PSI-BLAST.

Множественное выравнивание последовательностей. Цели и задачи. «Золотой стандарт». Методы множественного выравнивания: прогрессивное множественное выравнивание; локальные множественные выравнивания; итерационные методы; вероятностно-статистические методы. ПО для множественного выравнивания. Программы семейства CLUSTAL. Muscle. T-COFFEE.

Тема 6. Гомология, филогения и эволюционные деревья

Гомология и подобие. Ортологи, Паралоги и Ксенологи. Филогения и родство. Критерии филогенетического анализа: морфологические характеристики, биохимические свойства и последовательности нуклеиновых кислот и белков. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа. Митохондриальная и рибосомная ДНК. Эволюционная значимость и область применения в филогении.

Филогенетические деревья. Теория графов, ее значение для изучения филогенетических отношений. Граф, узлы, дуги, путь. Ориентированные и взвешенные графы. Характерные свойства филогенетических деревьев. Топология деревьев. Монофилия, парафилия и полифелия. Основные подходы к филогенетическому анализу: фенетический, кладистический и эволюционный. Клада, таксон и узел. Проблема скорости эволюции.

Методы построения деревьев. Кластерные методы. Групповой метод невзвешенных пар с вычислением среднего арифметического. Алгоритм объединения соседей. Переборные методы. Метод максимальной парсимонии. Метод наибольшего правдоподобия. Метод Байесовой вероятности. Проверка правильности построения деревьев: методы jackknife и bootstrap. ПО, реализующее разные методы анализа молекулярной филогении

4.3.1. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/п	№ раздела и темы	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (час.)		Оценочные средства	Формируемые компетенции (индикаторы)
			Всего часов	Из них практическая подготовка		
1	2	3	4	5	6	7
1	Тема 1	Информационные технологии в биологии	2		Контрольные вопросы	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i>
2	Тема 2	Структура и свойства белков и нуклеиновых кислот	2		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i>
3	Тема 3	Физико-химические методы исследования структуры биомолекул	2		Контрольные вопросы Доклад	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
4	Тема 3	Физико-химические методы анализа экспрессии генов	2		Контрольные вопросы Доклад	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
5	Тема 4	Первичная структура белка. БД UniProtKB	4		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
6	Тема 4	Пространственная структура белка. БД SCOP и CATH.	4		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
7	Тема 5	Выравнивание последовательностей с помощью программы BLAST	2		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
8	Тема 5	Поиск белка в БД NCBI по его гомологу	2		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
9	Тема 5	Библиографические базы данных.	2		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
10	Тема 5	Множественное выравнивание последовательностей.	2		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
11	Тема 6	Построение филогенетических деревьев по последовательностям отдельных белков	4		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>
12	Тема 6	Установление филогенетических связей по наборам последовательностей ДНК	4		Контрольные вопросы Отчет по ПР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК 1.3</i>

4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение студентами в рамках самостоятельной работы (СРС)

№ п/п	Тема	Задание	Формируемая компетенция	ИДК
1	Тема 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	1.3. Контрольные вопросы по теме (1-10)	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК1.3</i>
2	Тема 2. Основные инструменты биоинформатики.	1. Подготовка отчетов по ПР (задание 1) 2. Контрольные вопросы по теме (11-20)	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК1.3</i>
3	Тема 3. Лабораторные методы структурно-функциональных исследований нуклеиновых кислот и белков	1. Подготовка устных докладов (задание 2) 2. Контрольные вопросы по теме (21-30)	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК1.3</i>
4	Тема 4. Базы данных в биоинформатике	1. Подготовка отчетов по ПР (задания 3 и 4). 2. Контрольные вопросы по теме (31-45).	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК1.3</i>
5	Тема 5. Выравнивание последовательностей	1. Подготовка отчетов по ПР (задания 5, 6, 7, 8). 2. Контрольные вопросы по теме (46-60)	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК1.3</i>
6	Тема 6. Гомология, филогения и эволюционные деревья	1. Подготовка отчетов по ПР (задание 9, 10, 11). 2. Контрольные вопросы по теме (61-75)	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК 1.2</i> <i>ИДК ПК1.3</i>

4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов

Самостоятельная работа студента преследует следующие цели:

- совершенствование навыков самообразовательной работы как основного пути повышения уровня образования;
- углубление и расширение знаний по предмету.

По дисциплине «Основы биоинформатики» предлагаются следующие формы самостоятельной работы:

- Работа над конспектом лекции;
- Углубленный анализ научно-методической литературы и изучение учебного материала, предусмотренного рабочей программой;
- Самостоятельное изучение отдельных тем, параграфов, не изложенных в лекции;
- подготовка к контрольному опросу на практических занятиях;
- подготовка отчетов по практическим заданиям;
- подготовка к экзамену.

Письменные работы. Для самостоятельного изучения тем рекомендуется использовать основную и дополнительную литературу, а также источники, найденные при помощи информационно-справочных и поисковых. Для закрепления материала рекомендуется делать краткие конспекты по теме.

Устный доклад – это сообщение в течение 10-15 мин, в котором студент в лаконичной форме должен изложить материал по соответствующей теме, придерживаясь следующего плана: введение, основная часть, заключение. Доклад сопровождается презентацией, отражающей основные положения по соответствующей теме, включающей наглядные материалы (схемы, таблицы, фото и т.д.). По окончании доклада студенту задают вопросы, как преподаватель, так и студенты, на которые докладчик должен дать исчерпывающие ответы.

Рекомендации по подготовке презентации.

Презентации — способ представления информации, сочетающий в себе текст, гипертекстовые ссылки, компьютерную анимацию, графики, видео, музыку и звуковой ряд, которые организованы в единую среду. Презентация имеет сюжет, сценарий и структуру, организованную для удобного восприятия информации. Отличительной особенностью презентации является её интерактивность, то есть создаваемая для пользователя возможность взаимодействия через элементы управления.

Презентация всегда состоит из двух основных компонентов: информации, которую выступающий хочет донести до аудитории, и манеры изложения. Написанный на бумаге текст помогает более четко и последовательно изложить материал. Презентации обычно делают в PowerPoint, в Impress, либо в Acrobat. Желательно придерживаться принципа: один слайд - одна мысль. Титульный слайд должен содержать название презентации, её автора, контактную информацию автора. На втором слайде обычно представлен план презентации, основные разделы или вопросы, которые будут рассмотрены. Остальные слайды нужно строить по модели: тезис - аргументы – вывод. Выводы всегда должно быть даны ясно и лаконично на отдельном слайде. Предпоследний слайд должен содержать информацию об использованных источниках литературы, интернет-ресурсах. Последний слайд может повторять титульный с добавлением фразы «Спасибо за внимание!»

На слайды должны попасть только самые важные тезисы и данные, а также графический материал: диаграммы, рисунки, фотографии. Старайтесь делать слайды на однородном светлом фоне с более контрастным текстом. Ключевые слова в предложении лучше выделять жирным шрифтом или цветом. Текст пишите крупно, плотно набранный текст сложнее воспринимается.

Содержание и форма отчета по практической работе

Отчет по лабораторной работе должен включать следующие разделы:

1. НАЗВАНИЕ РАБОТЫ
2. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ РАБОТЫ
3. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В данном разделе приводятся перечень использованных в работе компьютерных программ, иных электронных ресурсов и баз данных; описание методик. Не следует включать материалы, не использованные в работе.

4. РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В данном разделе приводятся результаты работы в виде таблиц, рисунков и схем. Дается обсуждение результатов работы: адекватность результатов поставленным задачам, интерпретация результатов с позиции основных биологических теорий и т.д.

5. ВЫВОДЫ

ПОДПИСЬ, ДАТА

4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов): не предусмотрены учебным планом.

V. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

а) перечень литературы

1. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - ISBN 978-5-94774-501-6 (8 экз.)+
2. Приставка А.А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике. В 3 ч. Ч. 1. Белки : учеб.-метод. пособие / А.А. Приставка, В.П. Саловарова. – Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. – 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7 (69 экз.)+

3. Белькова, Наталья Леонидовна Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / Н. Л. Белькова ; рец.: С. М. Попкова, Ю. М. Константинов ; Иркут. гос. ун-т, Биол.-почв. фак. - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013 - . - 20 см. - ISBN 978-5-9624-0956-6. **Ч. 2** : Нуклеиновые кислоты. - 2014. - 155 с. : ил. - ISBN 978-5-9624-1184-2 – 39 экз.
4. Стефанов В.Е. Биоинформатика [Электронный ресурс] : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. - Электрон. текстовые дан. - Москва : Юрайт, 2022. - 252 с. - ЭБС "Юрайт". - Неогранич. доступ. - ISBN 978-5-534-00860-9+
5. Биология клетки. Физико-химические, структурно-функциональные и информационные основы [Текст] : учеб. пособие / Г. Ф. Жегунов [и др.] ; ред. Г. Ф. Жегунов. - 5-е изд., стер. - М. : Ленанд, 2018. - 542 с. - ISBN 978-5-9710-4976-0 +

б) периодические издания

«Математическая биология и Биоинформатика», «Биохимия», «Биофизика», «Вопросы биологической, медицинской и фармацевтической химии», «Известия РАН. Серия биологическая », «Молекулярная биология», «Прикладная биохимия и микробиология», «Вопросы вирусологии».

в) список авторских методических разработок:

1. Приставка А.А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике. В 3 ч. Ч. 1. Белки : учеб.-метод. пособие / А.А. Приставка, В.П. Саловарова. – Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. – 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7 (69 экз.)

г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

1. <http://www.protein.bio.msu.ru/biokhimiya/index.htm> - Интернет-версия международного журнала по биохимии и биохимическим аспектам молекулярной биологии, биоорганической химии, микробиологии, иммунологии, физиологии и биомедицинских исследований. Статьи в pdf-формате.
2. <http://www.6years.net/index.php> - портал бесплатной медицинской информации, содержит большое количество книг, учебных пособий биохимической направленности.
3. <http://www.chemexper.com/> - поиск химических соединений в различных базах данных
4. <http://www.dmb.biophys.msu.ru> - Информационная система «Динамические модели в биологии», рассчитанная на широкий круг пользователей, включает в себя гипертекстовые документы и реляционные базы данных и обеспечивает унифицированный доступ к разнообразной информации по данной предметной области.
5. <http://www.elibrary.ru/defaultx.asp> - Научная электронная библиотека, крупнейший российский информационный портал в области науки, технологии, медицины и образования, содержащий рефераты и полные тексты более 12 млн научных статей и публикаций.
6. <http://www.tusearch.blogspot.com> - Поиск электронных книг, публикаций, законов, ГОСТов на сайтах научных электронных библиотек. В поисковике отобраны лучшие библиотеки, в большинстве которых можно скачать материалы в полном объеме без регистрации. В список включены библиотеки иностранных университетов и научных организаций.
7. <http://www.biengi.ac.ru/analyz.htm> - Биоинформатика в Центре «Биоинженерия» РАН
8. <http://www.bioinformatix.ru/> - Биоинформатика, геномика, протеомика, биософт, имейджинг — портал по биоинформатике, имейджингу и биософту.
9. <http://www.ebi.ac.uk/> - база данных EMBL EBI (European Bioinformatics Institute).
10. <http://www.expasy.ch/> - система анализа белка ExPASy (Expert Protein Analysis System, SwissProt, TrEMBL)

11. <http://www.iscb.org/> - Международное сообщество вычислительной биологии.
12. <http://www.matbio.org/> - электронный журнал «Математическая биология и биоинформатика».
13. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт NCBI (National Center Biotech Information)
14. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast> - программа выравнивания последовательностей BLAST (Basic Local Alignment Sequence Tool)
15. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/GenbankSearch.html> - база данных GenBank
16. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> - библиографическая база данных PUBMED
17. <http://www.protein.bio.msu.ru/biokhimiya/index.htm> - Интернет версия международного журнала по биохимии и биохимическим аспектам молекулярной биологии, биоорганической химии, микробиологии, иммунологии, физиологии и биоинформатике. Статьи в pdf-формате.
18. <http://www.rcsb.org/pdb/> - база данных по белкам PDB (Protein 3D Structure database)
19. <http://www.rusbiotech.ru/> - Российские биотехнологии и Биоинформатика
20. molbiol.ru - российский сервер с большим количеством справочной информации по биоинформатике на русском языке.
21. ЭБС «Издательство Лань». Адрес доступа <http://e.lanbook.com/>
22. ЭБС «Рукопт». Адрес доступа <http://rucont.ru/>
23. ЭБС «Айбукс». Адрес доступа <http://ibooks.ru>
24. ЭБС «Юрайт». Адрес доступа: <http://biblio-online.ru/>

VI. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

6.1. Учебно-лабораторное оборудование:

Аудитория для проведения занятий практического типа. Аудитория оборудована: *специализированной (учебной) мебелью* на 12 посадочных мест; оборудована *техническими средствами обучения*: Проектор Epson EB-X03, Экран ScreenMedia, Доска аудиторная меловая, магнитная, Лаборатория орган химии - Шкаф вытяжной АФ-221" - 2 шт., Химический шкаф (стеллаж) -1 шт., Лабораторный стол с выкатными тумбами – 5 шт., Холодильник «Минск» - 2шт., Аппарат для вертикального электрофореза – 1 шт., Вакуумный испаритель РВО-64 – 1 шт., Вольметр ВУ-15 – 1 шт., Дезинтегратор УД-20 – 1 шт., Измеритель ионных сопротивлений (импеданса) - 1 шт., Источник питания для электрофореза "Эльф" – 1 шт., Осциллограф универсальный двухлучевой С-55 – 1 шт., Термостат ТС-80 – 1 шт., Центрифуга К-24 – 1 шт., Центрифуга МПВ-310 – 1 шт. Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт. служащими для представления учебной информации по дисциплине «Основы биоинформатики» *учебно-наглядными пособиями*, обеспечивающими тематические иллюстрации по дисциплине в виде презентации.

Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы. Аудитория оборудована: *специализированной (учебной) мебелью* на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована *техническими средствами обучения*: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блок Athlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок tium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; с неограниченным доступом к сети Интернет; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт. С неограниченным доступом к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации.

Помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Аудитория оборудована: *специализированной мебелью* на 8 посадочных мест; Вытяжной шкаф – 1шт., Ламинарный шкаф – 2 шт., Термостат ТС-80 – 2 шт., Лабораторный стол

металлический – 3 шт., Лабораторный стол с резиновой поверхностью – 2 шт., Холодильник «Атлант» – 1 шт. Микроскоп монокулярный – 8 шт, Микроскоп "Биолам"-1 шт., Стерилизатор паровой ВК-75 ПТ "ТЗМОИ" – 1шт., Пипетка автоматическая Ленпипет 0,5-10 м"-1 шт., Пипетка-дозатор"-1 шт., Микроскоп Levenhuk D870Т тринокуляр"-1 шт., Проектор Оверхед"-1 шт., Проектор View Sonic"-1 шт., Проектор View Sonic"-1 шт., Ноутбук Lenovo"-2 шт., Принтер Brother -1 шт., Принтер Canon -1 шт.

6.2. Программное обеспечение:

- DreamSpark Premium Electronic Software Delivery (3 years) Renewal (Windows 10 Education 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Windows 7 Professional with Service Pack 1 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Windows Server 2008 Enterprise and Standard without Hyper-V with SP2 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Access 2016 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Access 2010 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine). Договор №03-016-14 от 30.10.2014г.
- Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition. 250-499. Форум Контракт №04-114-16 от 14ноября 2016г KES. Счет №РСЦЗ-000147 и АКТ от 23ноября 2016г Лиц.№1В08161103014721370444.
- Microsoft Office Enterprise 2007 Russian Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 43364238.
- Microsoft Windows XP Professional Russian Upgrade Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 41059241.
- Office 365 профессиональный плюс для учащихся. Номер заказа: 36dde53d-7cdb-4cad-a87f-29b2a19c463e.

6.3. Технические и электронные средства:

- Презентации по всем темам курса;
- Система электронного тестирования на базе образовательного портала Educa;
- Онлайн версии программ для выравнивания последовательностей и филогенетического анализа (BLAST, CLUSTAL, PhyML, T-Coffee, MUSCLE, COBALT)

VII. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

Для освоения дисциплины «Основы биоинформатики» применяются следующие образовательные технологии:

- *Информационная лекция* - это сжатое изложение основных научных фактов, что является базой для анализа рассуждений, оценок.
- *Лекция-визуализация*. Учит студентов преобразовывать устную и письменную информацию в визуальную форму, что формирует у них профессиональное мышление за счет систематизации и выделения наиболее значимых, существенных элементов содержания обучения. Задача преподавателя использовать такие формы наглядности, которые не только дополняют словесную информацию, но и сами являются носителями информации (схемы, рисунки, слайды-презентации, и т.п.). Этот вид лекции лучше всего использовать на этапе введения студентов в новый раздел, тему дисциплины.
- *Практические занятия* – это занятие, проводимое под руководством преподавателя в учебной аудитории, направленное на углубление научно-теоретических знаний и овладение определенными методами самостоятельной работы, которое формирует практические умения. Одной из форм практических занятий является коллоквиум.
- *Коллоквиумы* – вид учебного занятия, проводимого с целью проверки и оценивания знаний учащихся. Коллоквиум может проводиться в форме индивидуальной беседы преподавателя со студентом или как массовый опрос. В ходе группового обсуждения студенты учатся высказывать свою точку зрения по определенному вопросу, защищать свое мнение, применяя знания, полученные на занятиях по предмету. В ходе

коллоквиума также проверяются письменные работы студентов, проводится защита докладов.

- *Самостоятельная работа студентов* (см. п.4.4).
- *Дистанционные образовательные технологии.* Под дистанционными образовательными технологиями понимаются образовательные технологии, реализуемые в основном с применением информационно-телекоммуникационных сетей. При освоении дисциплины «Основы биоинформатики» используется *компьютерные сетевые технологии* (интернет-технологии) – способ дистанционной передачи информации, основанный на использовании глобальных и локальных компьютерных сетей для обеспечения доступа обучающихся к информационным образовательным ресурсам и для формирования совокупности методических, организационных, технических и программных средств реализации и управления учебным процессом независимо от места нахождения его субъектов. Для организации дистанционного обучения на основе этих технологий используется специализированное программное средство - образовательный портал ИГУ (educa.isu.ru).

VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

Оценочные материалы для входного контроля

Для входного контроля оценки уровня знаний студентов используется тестирование по основным разделам математики, физики, химии, биохимии и молекулярной биологии.

Демонстрационный вариант теста для входного контроля

1. Какие связи образуют α -спираль во вторичной структуре белка? а) Вандер-Ваальса; б) гидрофобные; в) пептидные; г) водородные
2. Если содержание остатков тимина (от общего числа остатков) ДНК составляет 20%, то содержание гуанина составит: а) 40%; б) 35%; в) 25%; г) 30%
3. Операционная система представляет из себя: а) комплекс программ специального назначения; б) комплекс аппаратных средств; в) совокупность ресурсов компьютера; г) комплекс инструментальных программ.

Оценочные материалы текущего контроля

Оценочные материалы текущего контроля формируются в соответствии с ЛНА университета. В рамках дисциплины «Основы биоинформатики» используются следующие формы текущего контроля:

- устный опрос;
 - выполнение отчетов по практическим работам
 - контроль самостоятельной работы.
- Фонд оценочных средств включает:
- контрольные вопросы;
 - практические задания;
 - перечень тем докладов;
 - вопросы для самостоятельного изучения (СРС);
 - перечень экзаменационных вопросов.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенции ПК-1 (см. п. III). Студенты, не выполнившие задания текущего контроля или получившие за них оценку «не удовлетворительно», до промежуточной аттестации не допускаются, пока не будут ликвидированы все задолженности.

Темы докладов (Задание 2)

1. Классические и новейшие методы секвенирования нуклеиновых кислот
2. Метод «Expressed sequence tags»: принципы и область применения
3. Методы определения первичной структуры белка
4. Методы изучения экспрессии генов: Нозерн- и Вестерн-блоттинги
5. Методы изучения экспрессии генов: Serial Analysis of Gene Expression и двумерный электрофорез в полиакриламидном геле
6. Методы изучения экспрессии генов: ДНК-чипы

Критерии оценки доклада:

- Новизна текста: а) актуальность темы; б) новизна и самостоятельность в постановке проблемы, формулирование нового аспекта известной проблемы в установлении новых связей (межпредметных, внутриспредметных, интеграционных); в) умение работать с исследованиями, критической литературой, систематизировать и структурировать материал; г) явленность авторской позиции, самостоятельность оценок и суждений; д) стилевое единство текста, единство жанровых черт.
- Степень раскрытия сущности вопроса: а) соответствие содержания теме и плану доклада; б) полнота и глубина знаний по теме; в) обоснованность способов и методов работы с материалом; г) умение обобщать, делать выводы, сопоставлять различные точки зрения по одному вопросу (проблеме).
- Обоснованность выбора источников: а) оценка использованной литературы: привлечены ли наиболее известные работы по теме исследования (в т.ч. журнальные публикации последних лет, последние статистические данные, сводки, справки и т.д.).
- Соблюдение требований к оформлению: а) насколько верно оформлены ссылки на используемую литературу, список литературы; б) оценка грамотности и культуры изложения (в т.ч. орфографической, пунктуационной, стилистической культуры), владение терминологией; в) соответствие презентации содержанию доклада и рекомендациям по ее подготовке (см. п. 4.4).

Оценка *«отлично»*. В докладе полностью раскрыта тема, проанализировано современное состояние вопроса; студент свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, хорошим научным языком. Доклад сопровождается презентацией, которая составлена с соблюдением общих требований оформления, содержит ссылки на приведенные фото, рисунки, схемы и т.д. При обсуждении студент демонстрирует понимание изучаемой проблемы и методологии научного исследования, владение профессиональной терминологией и умение грамотно отвечать на вопросы аудитории.

Оценка *«хорошо»*. Тема раскрыта, приведено достаточное количество материала, но при этом материал в недостаточной степени проанализирован автором. Имеются недочеты в оформлении презентации или презентация не в полной степени соответствует общим требованиям. Ответы студента на вопросы не являются исчерпывающими и аргументированными.

Оценка *«удовлетворительно»*. Тема раскрыта не полностью, материал не проанализирован, студент показывает поверхностные знания. Презентация частично соответствует установленным требованиям. При обсуждении доклада студент дает неправильные или исчерпывающие ответы.

Оценка *«неудовлетворительно»*. Тема не раскрыта, приведен скудный объем материала; презентация отсутствует или не соответствует требованиям. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют вопросам.

Демонстрационные практические задания для текущего контроля

Задание 1.

На конце гена β-гемоглобина человека имеется следующая последовательность:

...ctggccsacaagtatcactaa

- а) Какова аминокислотная последовательность, соответствующая представленной?
- б) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена нуклеотида приводит к «молчащей» мутации в этом фрагменте.
- в) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена основания может привести к миссенс-мутации в этом фрагменте.
- г) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена основания приводит к преждевременной остановке синтеза белка.
- д) Напишите нуклеотидную последовательность, в которой единичная замена нуклеотида приводит к ошибке терминации и продолжению синтеза цепи.

Задание 3.

Найдите в БД UniProtKB документ, содержащий информацию о белке, указанно в файле «Индивидуальное распределение белков». Изучите полученный документ и заполните таблицу.

Поле	Метка поля	Содержание
Код доступа		
Идентификатор последовательности в БД		
Название и краткое описание белка		
Дата создания документа		
Дата последнего исправления аннотации		
Название организма		
Полное название таксона		
Длина последовательности		
Молекулярная масса белка		
Название гена, кодирующего этот белок		
Число публикаций, использованных при создании документа		
Выходные данные самой свежей публикации		
Ключевые слова		
Содержание поля комментариев		
Особенности белка		
Перекрестные ссылки		

Задание 4.

В файле «Альбом белков» найдите «свой» белок и на его условном изображении обозначьте цветом α -спирали (красным) и тяжи β -листа (синим). Если в молекуле имеется несколько доменов, выделите их. Объедините белковые структуры, представленные на рисунках, в категории: α -спираль, β -структура, α/β и $\alpha+\beta$.

Задание 5.

Путем горизонтального переноса в геном *E. coli* в течение 14,4 млн лет были внесены 755 ORF, что является причиной дивергенции *E. coli* от *Salmonella*. Оцените среднюю скорость горизонтального переноса в (парах нуклеотидов)/год. Каков процент генов, внесенных в геном *E. coli* посредством горизонтального переноса?

Задание 6.

Мутацией, приводящей к серповидно-клеточной анемии, является единственная замена основания А на Т, приводящая к замене Glu \rightarrow Val в β -цепи гемоглобина. Замена оснований происходит в последовательности 5'-GTGAG-3' (нормальная) -

GTGTG (мутантная). Какая рестриктаза может быть использована для обнаружения этого различия? Какова ее специфичность?

Задание 7.

Получите и выровняйте последовательность двух белков из лошади, кита и кенгуру: митохондриального цитохрома-b и панкреатической рибонуклеазы.

Сравните степень попарного сходства каждого белка для каждой пары видов. Совместимы ли выводы, полученные в результате анализа последовательностей митохондриального цитохрома-b, с выводами, полученными в результате анализа последовательностей панкреатических рибонуклеаз этих видов?

Задание 8.

В библиографической базе данных PubMed найдите ссылки на статьи, в которых упоминается название вашего белка. Укажите их общее количество. Из списка найденных статей выберите одну и сохраните ее аннотацию в формате txt. Найдите ссылки на все публикации последнего автора этой статьи за последние 3 года. Повторите алгоритм поиска в отечественной библиографической системе e-library.

Задание 9.

С помощью программы BLAST найдите последовательности, гомологичные вашему белку (файл «Индивидуальное распределение белков»). Сформируйте файл с набором последовательностей, для которых будет проводится множественное выравнивание. Проведите множественное выравнивание этих последовательностей с помощью программ семейства CLUSTAL. Повторите выравнивание при разных настройках параметров. Сделайте выводы.

Задание 10.

Гормоны роста большинства млекопитающих имеют очень сходные аминокислотные последовательности. Человеческие гормоны роста отличаются гораздо сильнее. Эволюция гормонов роста ускорялась резко в той линии, которая вела к человеку. Путем выравнивания последовательностей гормонов роста из организмов близкородственных человеку видов и более отдаленных таксонов определите, где в эволюционном древе человека имело место ускорение эволюции гормонов роста.

Задание 11.

Хордовых относят к группе вторичноротых, которая включает хордовых, оболочечников и иглокожих. Есть систематические различия между этими тремя типами в их митохондриальном генетическом коде. Определите примеры организмов из каждого типа, чьи аминокислоты соответствуют кодонам ATA и AGA. Исходя из этого получите филогенетическое дерево для этих типов вторичноротых.

Критерии оценивания заданий:

Оценка «отлично» выставляется, если задание выполнено правильно, в ходе решения продемонстрированы понимание метода решения, правильность выбора и использования программного обеспечения, способность интерпретировать результаты, приведено детальное и полное описание решения;

Оценка «хорошо» выставляется, если задание выполнено правильно, но студент затрудняется изложить и обосновать алгоритм решения и / или интерпретировать полученные результаты;

Оценка «удовлетворительно» выставляется, если задание выполнено неправильно, но студент демонстрирует верный подход к проблеме, поставленной в задаче;

Оценка «неудовлетворительно» выставляется, если задание выполнено неправильно или не выполнено совсем.

Контрольные вопросы для текущей аттестации

1. Что такое Биоинформатика?
2. Какова заслуга Л. Полинга в развитии биоинформатики?
3. Каких еще пионеров биоинформатики вы знаете?
4. Кем и когда был получен первый организм с рекомбинантной ДНК?

5. Какие компьютерные программы, используемые в биоинформатике, появились первыми?
6. В чем заключалась суть программы «Геном человека», и каковы ее результаты?
7. Опишите вкратце историю развития технологии секвенирования.
8. В чем состоят цели и задачи биоинформатики?
9. В каких областях Биоинформатика находит применение?
10. Каким образом защищается интеллектуальная собственность в биоинформатике?
11. Что такое компьютер?
12. Что такое программное обеспечение? Какие виды ПО выделяют?
13. Приведите примеры языков программирования и назовите их отличительные особенности.
14. Что такое HTML и BIOML?
15. Что такое Internet и WWW? В чем их различия?
16. Что такое сетевые протоколы? Назовите самые популярные.
17. Опишите принцип работы Internet.
18. В чем оказалось преимущество WWW по сравнению с другими конкурирующими системами?
19. Что такое браузер? Назовите наиболее популярные обозреватели сети.
20. Какую пользу приносит система выборки последовательностей в биоинформатике?
21. Из каких операций состоит основная реакция секвенирования ДНК?
22. Опишите полный процесс секвенирования ДНК.
23. Что такое открытая рамка считывания и какова ее роль?
24. Опишите метод определения последовательности клона.
25. Что такое ярлыки экспрессируемых последовательностей? Каким образом секвенируют EST?
26. Какие методы используют для секвенирования белков?
27. Опишите суть процесса гибридизации микроматриц ДНК.
28. В чем состоит анализ экспрессии белков?
29. Какие подходы к обнаружению генов вам известны?
30. Приведите пример организмов, геномы которых были успешно расшифрованы.
31. Что такое база данных?
32. Какие типы баз данных вы знаете? Какие их функции?
33. Что такое СУБД? Какие типы СУБД вы знаете?
34. Что такое SQL и какую функцию он выполняет?
35. Исторические аспекты возникновения и развития биоинформационных БД.
36. Что такое EMBL и NCBI? Какие базы данных и программные продукты они поддерживают?
37. Что такое метод-ориентированные базы данных?
38. Приведите пример организм-ориентированных БД.
39. Приведите примеры баз данных последовательностей нуклеиновых кислот. Для каких целей они созданы?
40. Каковы функции баз данных белковых последовательностей? Назовите несколько ресурсов.
41. Какая база данных белковых последовательностей является наиболее полной? Какие функциональные разделы в ней выделяют?
42. Что такое базы данных структур? Приведите примеры.
43. Что общего и в чем различия между структурными классификациями белков в БД SCOP и CATH?
44. Что такое библиографическая база данных. Приведите несколько примеров.
45. Каковы особенности вторичных баз данных?
46. Что такое выравнивание последовательностей?
47. Каковы цели выравнивания последовательностей?

48. Какие типы выравнивания последовательностей вы знаете?
49. Опишите этапы анализа точечной диаграммы.
50. Опишите принцип назначения счета мутациям, выпадениям и заменам.
51. Какие программы применяются для попарного выравнивания последовательностей в базах данных?
52. Что такое матрица процентов точечных мутаций?
53. Что такое динамическое программирование?
54. Какие алгоритмы используются в динамическом программировании? Чем они отличаются?
55. Почему для оценки выравниваемости последовательностей нельзя использовать традиционные статистические критерии?
56. На каких критериях основано сравнение последовательностей?
57. Что такое расстояния Хемминга и Ливенштейна? Чем они отличаются?
58. Что такое множественное выравнивание последовательностей?
59. Перечислите основные этапы в построении множественного выравнивания.
60. Какие программы применяют для множественного выравнивания?
61. Как вы понимаете разницу между понятиями «гомология» и «подобие»?
62. Чем отличаются ортологи, паралоги и ксенологи?
63. Что такое филогения?
64. В чем сущность фенетического подхода?
65. Назовите характерные особенности кладистического подхода.
66. Дайте определение следующим терминам: орграф, узел (вершина), дуга, путь, контур.
67. Что такое филогенетическое дерево? Каковы его отличительные свойства?
68. Какие виды филогенетических деревьев вы знаете?
69. Какие допущения приняты в построении филогенетических деревьев?
70. В чем молекулярная филогенетика превосходит традиционную?
71. Какие базы данных используют в филогенетическом анализе?
72. Что такое Newick format?
73. Назовите группы методов построения филогенетических деревьев?
74. Чем различаются кладистические и переборные методы филогении? На чем основан метод наибольшего правдоподобия?
75. Каким образом можно оценить достоверность построенного филогенетического дерева?

Критерии оценивания ответов на контрольные вопросы:

- 1) полнота и правильность ответа;
- 2) степень осознанности, понимания изученного;
- 3) языковое оформление ответа.

Ответ оценивается на «отлично», если студент: полно излагает изученный материал, дает правильное определение понятий; обнаруживает понимание материала, может обосновать свои суждения, применить знания на практике, привести необходимые примеры не только по учебнику, но и самостоятельно составленные; излагает материал последовательно и правильно с точки зрения норм литературного языка.

Ответ оценивается на «хорошо», если студент даёт ответ, удовлетворяющий тем же требованиям, что и для оценки «отлично», но допускает 1-2 ошибки, которые сам же исправляет, и 1-2 недочёта в последовательности и языковом оформлении излагаемого.

«Удовлетворительно» ставится, если студент обнаруживает знание и понимание основных положений темы, но при этом: излагает материал неполно и допускает неточности в определении понятий или формулировке теорий; не умеет достаточно глубоко и доказательно обосновать свои суждения и привести свои примеры; излагает материал непоследовательно и допускает ошибки в языковом оформлении излагаемого.

Оценка *«неудовлетворительно»* ставится, если ответ не удовлетворяет требованиям положительной оценки или студент отказывается отвечать на контрольные вопросы

Оценочные материалы для промежуточной аттестации в форме экзамена

Форма промежуточной аттестации - **экзамен**. Система оценок: пятибалльная. ОС этого типа должны выявлять степень освоения теоретических знаний как базу для формирования компетенций, умения их применять в ситуациях, моделирующих профессиональную деятельность, а также сформированность компетенции ПК-1, заявленной в п. III.

Примерный список вопросов к экзамену

1. Биоинформатика: предмет, цели, задачи, прикладное значение.
2. Биоинформатика в историческом аспекте. Роль физико-химическим и молекулярно-биологических методов исследования биополимеров. Закон Мура и проект «Геном человека».
3. Компьютер, компьютерная программа, программное обеспечение. Операционные системы (BIOS, DOS, Windows, Unix).
4. Языки программирования - HTML, Java Script, Java, PERL, BSML, BIOML.
5. Интернет: история возникновения и развития, современная структура. IP-адреса и доменные номера
6. Сетевые протоколы - UUCP, POP, FTP, TELNET, TCP/IP, HTTP.
7. Всемирная паутина (WWW). Веб-страницы и веб-узлы.
8. Программы-обозреватели: Lynux, Mosaic, Netscape Navigator, Internet Explorer, Opera, Mozilla. Гиперссылки. URL. XML. DBMS. Зеркала и Интранет.
9. Методы картографирования генома – виды карт и общая характеристика методов их построения.
10. Основные технические подходы к секвенированию ДНК: гибридные молекулы ДНК, амплификация, кДНК-синтез, метод Сенгера. Ярлыки экспрессируемых последовательностей (EST).
11. Методы секвенирования белков – прямые и косвенные.
12. Методы анализа экспрессии генов: Нозерн- и Вестерн-блоттинг, ДНК-чипы. Анализ экспрессии белков.
13. Базы данных - функции и классификация. Записи базы данных. Современные тенденции в структурировании БД.
14. Система управления базами данных. Компоненты, функции и типы СУБД. Язык структурированных запросов (SQL).
15. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот (EMBL, GenBank). Специализированные БД.
16. Базы данных белковых последовательностей (PIR, UniProt).
17. Базы данных структур (PDB, SCOP, CATH, BMRB).
18. Вторичные базы данных. Библиографические базы данных.
19. Выравнивание – цели, задачи, основные понятия и определения. Типы выравнивания - глобальное и локальное.
20. Общие принципы выравнивания. Расстояние как критерий меры различия последовательностей.
21. Счет выравнивания. Матрица процентов точечных мутаций (PAM). Матрицы блочных замен аминокислот (BLOSAM).
22. Методы попарного выравнивания последовательностей. Точечная матрица.
23. Методы попарного выравнивания последовательностей. Методы динамического программирования. Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермена.
24. Множественное выравнивание последовательностей – цели, задачи, основные этапы.
25. Множественное выравнивание последовательностей. Методы прогрессивного выравнивания. ПО для множественного выравнивания.

26. Гомология и подобие. Виды гомологов. Филогения и родство. Основные подходы к филогенетическому анализу. Критерии филогенетического анализа
27. Эволюционное дерево и теория графов. Клада, таксон и узел. Свойства и виды филогенетических деревьев.
28. Основные этапы и методы филогенетического анализа. Методы расстояний. Групповой метод невзвешенных пар с вычислением среднего арифметического. Алгоритм объединения соседей.
29. Основные этапы и методы филогенетического анализа. Метод минимальной эволюции. Метод максимальной экономичности. Метод максимального правдоподобия.
30. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа.

Критерии оценки:

«Отлично»: ответ полный, отражающий большинство сторон рассматриваемого вопроса; в ответе грамотно используется терминология и даются определения; проведен анализ, сравнение и приведены конкретные примеры. Отсутствуют ошибки в формулировке терминов и оценке фактов.

«Хорошо»: в ответе отражена основная суть рассматриваемого вопроса; грамотно использована терминология; проведен анализ, сравнение и приведены примеры. Допускаются незначительные упущения фактов, незначительные ошибки в терминологии.

«Удовлетворительно»: студент выполнил задание, но при этом допустил принципиальные погрешности (незнание необходимой для данного вопроса теории, терминологии и фактологии).

«Неудовлетворительно»: при ответе студентом не выполнены требования, указанные для положительных отметок или студент отказывается отвечать на вопросы билета.

Разработчик:


_____ доцент Приставка А.А.
(подпись)

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению 06.03.01 Биология.

Программа рассмотрена на заседании кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики 20.02.2023 г. протокол № 12.

Зав. кафедрой, д.б.н., профессор В.П. Саловарова 

Настоящая программа, не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы.