



**МИНОБРНАУКИ РОССИИ**  
**федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение**  
**высшего образования**  
**«Иркутский государственный университет»**  
**(ФГБОУ ВО «ИГУ»)**  
Биолого-почвенный факультет



**Рабочая программа дисциплины (модуля)**

Наименование дисциплины (модуля): Биоинформатика

Научная специальность: 1.5.6 Биотехнология

Форма обучения: очная

Согласовано с УМК биолого-почвенного факультета  
протокол № 2 от «12» сентября 2022 г.

Председатель УМК \_\_\_\_\_ / Матвеев А.Н./

Программа рассмотрена на заседании кафедры  
физико-химической биологии, биоинженерии и  
биоинформатики

« 2 » сентября 2022 г. Протокол № 1

Зав. кафедрой \_\_\_\_\_ / Саловарова В.П./

Иркутск 2022 г.

## Содержание

1. Цели и задачи дисциплины (модуля)
2. Требования к результатам освоения дисциплины (модуля)
3. Объем дисциплины (модуля) и виды учебной работы
4. Содержание дисциплины (модуля)
  - 4.1 Содержание разделов и тем дисциплины (модуля)
  - 4.2 Разделы и темы дисциплин (модулей) и виды занятий
  - 4.3 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ.
5. Примерная тематика рефератов (при наличии)
6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля):
  - а) основная литература;
  - б) дополнительная литература;
  - в) программное обеспечение;
  - г) интернет-ресурсы, базы данных, информационно-справочные и поисковые системы
7. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля).
8. Образовательные технологии
9. Фонды оценочных средств для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации
  - 9.1 Оценочные средства текущего контроля
  - 9.2 Оценочные средства для промежуточной аттестации

## **1. Цели и задачи дисциплины (модуля):**

Целью освоения дисциплины является:

Ознакомить аспирантов 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 навыки использования сетевых технологий для эффективного поиска, передачи и обработки научной информации.

## **2. Требования к результатам освоения дисциплины (модуля):**

В результате изучения дисциплины аспирант должен:

### **Знать:**

- основные аппаратные и программные средства реализации информационных технологий, используемых в биоинформатике;
- принципы работы с молекулярно-биологическими базами данных и с обслуживающими их приложениями;
- методы эффективного поиска и обработки информации о последовательностях и структурах биополимеров;
- основные принципы молекулярного моделирования;
- новейшие достижения в области биоинформатики и перспективы их практического и теоретического использования.

### **Уметь:**

- использовать полученные знания и навыки для решения профессиональных задач.
- организовывать поиск информации в базах данных и использовать возможности программных средств и сетевых технологий для молекулярно-биологических исследований;
- осуществить выбор наиболее оптимального информационно-вычислительного метода исследования в зависимости от поставленной задачи;
- использовать основные технологии и методы молекулярной визуализации.

### **Владеть:**

- методами и средствами анализа молекулярно-биологической информации;
- навыками работы с биологическими базами данных и обслуживающими их приложениями;
- базовыми пакетами прикладных программ для анализа структуры и последовательной макромолекул.

### 3. Объем дисциплины (модуля) и виды учебной работы

Вид учебной работы	Всего академических часов	Курсы			
		1	2	3	4
<b>Аудиторные занятия (всего)</b>	16		16		
В том числе:					
Лекции	8		8		
Практические занятия (ПЗ)	8		8		
<b>Самостоятельная работа (всего)</b>	18		18		
В том числе:					
Реферат (при наличии)	-	-	-	-	-
Контактная работа	-	-	-	-	-
<i>Другие виды самостоятельной работы</i>	18		18		
<b>Промежуточная аттестация (всего)</b>	2		2		
В том числе:					
Контактная работа во время промежуточной аттестации	2		2		
Форма промежуточной аттестации (зачет, экзамен)	зачет				
Общая трудоемкость	часы	36	36		
	зачетные единицы	1	1		

### 4. Содержание дисциплины (модуля)

#### 4.1. Содержание разделов и тем дисциплины (модуля).

№	Наименование раздела	Содержание раздела дисциплины
1.	Тема 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	<p>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».</p> <p>Цели и задачи биоинформатики. Предмет биоинформатики. Прикладное значение биоинформатики: анализ гомологичности последовательностей; анализ</p>

		экспрессии генов; разработка лекарственных препаратов; функции прогноза.
2.	Тема 2. Основные инструменты биоинформатики.	<p>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.</p> <p>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.</p> <p>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).</p> <p>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</p>
3.	Тема 3. Базы данных в биоинформатике	<p>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.</p> <p>Система управления базами данных (СУБД). Компоненты и функции СУБД. Типы СУБД – иерархические и реляционные. Язык структурированных запросов (SQL).</p> <p>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.</p>

4.	Тема 4. Выравнивание последовательностей	<p>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.</p> <p>Методы попарного выравнивания последовательностей. Точечная матрица – принцип метода, область применения. Динамическое программирование. Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смигта-Уотермена. Матрица переходов. Метод k-кортежей. Алгоритмы программы BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). PSI-BLAST.</p> <p>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.</p>
5.	Тема 5. Гомология, филогения и эволюционные деревья	<p>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.</p> <p>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.</p> <p>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 Баесовой вероятности. Проверка правильности построения деревьев: методы jackknife и bootstrap. ПО, реализующее разные методы анализа молекулярной филогении.</p>

#### 4.2. Разделы и темы дисциплины (модуля) и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела	Наименование темы	Виды занятий в часах			
			Лекции	Практические занятия	Самостоятельная работа	Всего
1.		Введение. История, предмет и значение биоинформатики	1	1	2	4
2.		Основные инструменты биоинформатики	1	1	4	6
3.		Базы данных в биоинформатике	2	2	4	8
4.		Выравнивание последовательностей	2	2	4	8
5.		Гомология, филогения и эволюционные деревья	2	2	4	8

#### 4.3. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/п	№ раздела и темы дисциплины (модуля)	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (часы)	Оценочные средства
1	2	3	4	5
1.	Тема 1	Информационные технологии в биологии	1	Контрольные вопросы
2.	Тема 2	Структура и свойства белков и нуклеиновых кислот	1	Контрольные вопросы Отчет по ПР
3.	Тема 3	Структура белка. БД UniProtKB, SCOP и CATH	2	Контрольные вопросы Отчет по ПР
4.	Тема 4	Попарное и множественное выравнивание последовательностей. Поиск последовательностей по гомологу	2	Контрольные вопросы Отчет по ПР
5.	Тема 5	Построение филогенетических деревьев и установление филогенетических связей	2	Контрольные вопросы Отчет по ПР

#### 5. Примерная тематика рефератов, докладов, проектов (при наличии) Не предусмотрено

## 6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля):

### а) основная литература

1. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швьадаса. - 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. 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

### б) дополнительная литература

1. 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
2. Игнасимуту С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту ; пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Ин-т компьютер. исслед., 2007. - 316 с. - ISBN 978-5-93972-620-7 (1 экз.)
3. Каменская М.А. Информационная биология / М.А. Каменская. – М.: Академия, 2006. – 361 с. - ISBN 5-7695-2580-0 (8 экз.)
4. Математические методы для анализа последовательностей ДНК. / Под ред. М.С. Уотермена, перевод с англ. – М.: Мир, 1999. – 349 с. - ISBN 5030025200 (1 экз.)
5. Структура и функционирование белков: применение методов биоинформатики / пер. с англ.: В. Н. Новоселецкий, Е. Д. Балицкая, Т. В. Науменкова ; ред. В. Н. Новоселецкий. - М. : УРСС : Ленанд, 2014. - 414 с. - ISBN 978-5-9710-0842-2. - ISBN 978-5-453-00057-9 (1 экз.)

### в) программное обеспечение

1. Онлайн версии программ для выравнивания последовательностей и филогенетического анализа (BLAST, CLUSTAL, PhyML, T-Coffee, MUSCLE, COBALT)
2. Microsoft Office

### г) интернет-ресурсы, базы данных, информационно-справочные и поисковые системы (при наличии)

1. <http://www.chemexper.com/> - поиск химических соединений в различных базах данных
2. <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.
3. <http://www.biengi.ac.ru/analyz.htm> - Биоинформатика в Центре «Биоинженерия» РАН
4. <http://www.bioinformatix.ru/> - Биоинформатика, геномика, протеомика, биософт, имейджинг — портал по биоинформатике, имейджингу и биософту.
5. <http://www.ebi.ac.uk/> - база данных EMBL EBI (European Bioinformatics Institute).
6. <http://www.expasy.ch/> - система анализа белка Expasy (Expert Protein Analysis System, SwissProt, TrEMBL)
7. <http://www.iscb.org/> - Международное сообщество вычислительной биологии.
8. <http://www.matbio.org/> - электронный журнал «Математическая биология и биоинформатика».
9. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт NCBI (National Center Biotech Information)
10. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast> - программа выравнивания последовательностей BLAST (Basic Local Alignment Sequence Tool)
11. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/GenbankSearch.html> - база данных GenBank



12. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> - библиографическая база данных PUBMED
13. <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.
14. <http://www.rcsb.org/pdb/> - база данных по белкам PDB (Protein 3D Structure database)
15. <http://www.rusbiotech.ru/> - Российские биотехнологии и Биоинформатика
16. molbiol.ru - российский сервер с большим количеством справочной информации по биоинформатике на русском языке.

## **7. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля):**

Материально-техническое обеспечение дисциплины базируется на следующих ресурсах:

- Научная библиотека ИГУ;
- Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы.

## **8. Образовательные технологии:**

При реализации различных видов учебной работы дисциплины используются как стандартные методы обучения, так и интерактивные формы проведения занятий.

*Стандартные методы обучения:*

- Информационная лекция
- Самостоятельная работа аспирантов;
- Консультации преподавателя;
- Подготовка ответов на контрольные вопросы.

*Обучения с применением интерактивных форм образовательных технологий:*

- кейс-метод – обучение в контексте моделируемой ситуации, воспроизводящей реальные условия научной деятельности (разбор конкретных ситуаций);
- информационно-коммуникационные образовательные технологии – лекция-визуализация с использованием специализированных программных сред;
- выполнение вычислений с использованием прикладных программ биоинформатики.
- Дистанционные образовательные 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](http://educa.isu.ru)).

## **9. Фонды оценочных средств для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации**

### **9.1 Оценочные средства текущего контроля:**

В рамках дисциплины «Биоинформатика» используются следующие формы текущего контроля:

- устный опрос;
- выполнение отчетов по практическим работам
- контроль самостоятельной работы.

Фонд оценочных средств включает:

- контрольные вопросы;

- практические задания;
- вопросы для самостоятельного изучения (СРС);

### Демонстрационные варианты практические задания для текущего контроля

#### Задание 1.

На конце гена  $\beta$ -гемоглобина человека имеется следующая последовательность:

...ctggcccaagaatcactaa

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

#### Задание 2.

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 3.

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.

*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 выравненности 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: оргграф, 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 определенное понятие; 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

## **9.2. Оценочные средства для промежуточной аттестации:**

Форма промежуточной аттестации - *зачет*.

### **Примерный список вопросов к зачету**

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. Основные технические подходы к секвенированию ДНК: гибридные молекулы ДНК, амплификация, кДНК-синтез, метод Сенгера. Ярлыки экспрессируемых последовательностей (EST).
10. Методы анализа экспрессии генов: Нозерн- и Вестерн-блоттинг, ДНК-чипы. Анализ экспрессии белков.
11. Базы данных - функции и классификация. Записи базы данных. Современные тенденции в структурировании БД.
12. Система управления базами данных. Компоненты, функции и типы СУБД. Язык структурированных запросов (SQL).
13. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот (EMBL, GenBank). Специализированные БД.
14. Базы данных белковых последовательностей (PIR, UniProt).
15. Базы данных структур (PDB, SCOP, CATH, BMRB).
16. Вторичные базы данных. Библиографические базы данных.
17. Выравнивание – цели, задачи, основные понятия и определения. Типы выравнивания - глобальное и локальное.
18. Общие принципы выравнивания. Расстояние как критерий меры различия последовательностей.
19. Счет выравнивания. Матрица процентов точечных мутаций (PAM). Матрицы блочных замен аминокислот (BLOSAM).
20. Методы попарного выравнивания последовательностей. Точечная матрица.
21. Методы попарного выравнивания последовательностей. Методы динамического программирования. Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермена.
22. Множественное выравнивание последовательностей – цели, задачи, основные этапы.
23. Множественное выравнивание последовательностей. Методы прогрессивного выравнивания. ПО для множественного выравнивания.
24. Гомология и подобие. Виды гомологов. Филогения и родство. Основные подходы к филогенетическому анализу. Критерии филогенетического анализа
25. Эволюционное дерево и теория графов. Клада, таксон и узел. Свойства и виды филогенетических деревьев.
26. Основные этапы и методы филогенетического анализа. Методы расстояний. Групповой метод невзвешенных пар с вычислением среднего арифметического. Алгоритм объединения соседей.
27. Основные этапы и методы филогенетического анализа. Метод минимальной эволюции. Метод максимальной экономичности. Метод максимального правдоподобия.
28. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа.

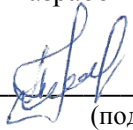
*Критерии оценки:*

Оценка «Зачтено» выставляется студенту, если на вопросы даны правильные и полные ответы, раскрывающие суть рассматриваемой проблемы, ее основных акторов, теоретические положения и

пути решения; допускается: ответ правильный, но аргументации недостаточно или даны недостаточно точные ответы.

Оценка «Не зачтено» выставляется студенту, если ответ неправильный или не дан вовсе.

Разработчик:

  
\_\_\_\_\_ (подпись)

\_\_\_\_\_ доцент  
(занимаемая должность)

\_\_\_\_\_ А.А. Приставка  
(инициалы, фамилия)