Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Максимов Алексей Борисович
Должность: директор департамента по образовательной политике
Дата подписания: 05.08.2026 16:48:43
Уникальный программный ключ:
8db180d1a3f02ac9e60521a5672742735c18b1d6

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«МОСКОВСКИЙ ПОЛИТЕХНИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»
/Московский Политех/

УТВЕРЖДАЮ
Декан
_____ / А.С. Соколов /
«26» февраля 2026 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
«Биоинформатика»

Направление подготовки
19.03.01 «Биотехнология»

Образовательная программа
«Биотехнология»

Квалификация (степень) выпускника
Бакалавр

Форма обучения
Очная

Москва, 2026

Разработчик(и):
Доцент кафедры «ХимБиотех»,
к.б.н., доцент  /М.Ю. Чередниченко/

Согласовано:
Заведующий кафедрой «ХимБиотех»,
д.с.-х.н., доцент  /Н.В. Мясищева/

СОДЕРЖАНИЕ

1.	Цели, задачи и планируемые результаты обучения по дисциплине	4
2.	Место дисциплины в структуре образовательной программы	5
3.	Структура и содержание дисциплины	5
3.1.	Виды учебной работы и трудоемкость	5
3.2.	Тематический план изучения дисциплины	6
3.3.	Содержание дисциплины	6
3.4.	Тематика семинарских/практических и лабораторных занятий	7
4.	Учебно-методическое и информационное обеспечение	8
4.1.	Основная литература	8
4.2.	Дополнительная литература	8
4.3.	Электронные образовательные ресурсы	8
4.4	Программное обеспечение и Интернет-ресурсы	8
5.	Материально-техническое обеспечение	10
6.	Методические рекомендации	10
6.1.	Методические рекомендации для преподавателя по организации обучения	10
6.2.	Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины	11
7.	Фонд оценочных средств	13
7.1.	Методы контроля и оценивания результатов обучения	13
7.2.	Шкала и критерии оценивания результатов обучения	14
7.3.	Оценочные средства	15

1. Цели освоения дисциплины

К **основным целям** освоения дисциплины «Биоинформатика» следует отнести:

– формирование знаний о современных методах получения и работы с биологическими данными, принципами организации баз данных значимой молекулярно-биологической, биофизической и структурной информации;

– подготовка студентов к деятельности в соответствии с квалификационной характеристикой бакалавра по направлению, в том числе формирование умений по сбору и анализу необходимой информации и аннотации биологических объектов: генов, белков и др..

- формирование у студентов системного подхода к решению научных задач с применением информационных систем, способности ориентироваться в широком диапазоне специализированных научных информационных систем и их классификации с целью выбора наиболее предпочтительной исходя из рода профессиональных задач.

К **основным задачам** освоения дисциплины «Биоинформатика» следует отнести:

– освоение методологии сбора и анализа информации о биологических объектах, отработка практических навыков по работе с биологической информацией о последовательностях генов и белков, структурной информацией о биологических молекулах, их свойствах и функциях.

- освоение навыков анализа результатов многочисленных экспериментальных работ в области биотехнологии, молекулярной биологии, биохимии, генетики при помощи соответствующих вычислительных технологий.

Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы.

В результате освоения дисциплины (модуля) у обучающихся формируются следующие компетенции и должны быть достигнуты следующие результаты обучения как этап формирования соответствующих компетенций:

Код и наименование компетенций	**Индикаторы достижения компетенции**
ПК-1 Способен проводить работы по обработке и анализу научно-технической информации и результатов исследований	ИПК-1. Знает методы планирования и организации исследований и разработок, методы анализа и обобщения отечественного и международного опыта в своей области исследований. ИПК-2. Умеет применять нормативную документацию в соответствующей области знаний, оформлять результаты научно-исследовательских и опытно-конструкторских работ, применять методы анализа научно-технической информации ИПК-3. Способен анализировать научно-технической информации, проводить эксперименты, обрабатывать и обобщать полученные данные

ПК-2. Способен выполнять эксперименты и оформлять результаты исследований и разработок	ИПК-2.1.Знает отечественный и международный опыт в своей области исследований, методы и средства планирования и организации исследований, проведения экспериментов и обработки информации ИПК-2.2. Умеет применять актуальную нормативную документацию в своей области знаний, оформлять результаты научно-исследовательских и опытно-конструкторских работ, применять методы проведения экспериментов ИПК-2.3. Способен проводить эксперименты и анализы, , составлять их описание и формулировать выводы, внедрять результаты исследований и разработок, составлять разделы отчетов по теме или по результатам проведенных экспериментов

2. Место дисциплины в структуре ОП бакалавриата

Дисциплина относится к части, формируемой участниками образовательных отношений блока Б 1.2.5 «Биоинформатика».

«Биоинформатика» взаимосвязана логически и содержательнометодически со следующими дисциплинами и практиками ООП:

- Основы генной инженерии
- Молекулярная и клеточная биотехнология
- Основы молекулярной биологии
- Химия биологически активных веществ
- Прикладная энзимология
- Математическое моделирование биотехнологических процессов и систем

3. Структура и содержание дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 2 зачетных единицы (72 часа).

3.1. Виды учебной работы и трудоемкость (по формам обучения)

3.1.1. Очная форма обучения

№	Вид учебной работы	Количество часов	Семестр
			7
1	**Аудиторные занятия**	**36**	**36**
	В том числе:		
	Лекции	18	18

	Практические занятия	18	18
2	**Самостоятельная работа**	**36**	**36**
3	**Промежуточная аттестация**		
	Зачет		
	Итого	**72**	**72**

3.2. Тематический план изучения дисциплины

(по формам обучения)

3.2.1. Очная форма обучения.

№ п/п	Разделы/темы дисциплины	Трудоемкость, час					
		Всего	**Аудиторная работа**				**Самостоятельная работа**
			Лекции	Семинарские/ практические занятия	Лабораторные занятия	Практическая подготовка	
1	Предмет биоинформатики. Классификация баз данных	14	4	4	-	-	6
2	NCBI	14	2	4	-	-	8
3	Геномы и протеомы	12	4	2	-	-	6
4	Выравнивание последовательностей	16	4	4	-	-	8
5	Филогенетический анализ	16	4	4	-	-	8
Итого		**72**	**18**	**18**	**-**	**-**	**36**

3.3 Содержание дисциплины

Тема 1. Предмет биоинформатики. Классификация баз данных

Предмет биоинформатики: особенность биоинформационных дан-ных, цели и задачи биоинформатики, перспективы применения биоинформа-тики. Биологические последовательности: информация в молекулярной био-логии и генетике. Типы данных в биоинформатике. Базы данных ДНК, РНК, белков, экспрессии, путей, заболеваний, геномные браузеры. NCBI, EMBL-EBI, Ensembl, UCSC, GEO DataSets, GEO2R, KEGG, Reactome, UniProt, PDB, Drugbank, Pfam, UGENE.

Тема 2. NCBI

Ключевые элементы NCBI. PubMed. GenBank. RefSeq. Формат FASTA. Популярные ресурсы NCBI. Gene. Genome. Руководство NCBI. Entrez.

Тема 3. Геномы и протеомы

Геномика. Картографирование генома. Методы секвенирования ДНК. Протеомика. Структура булков и информация. Биоинформатика в медицине.

Тема 4. Выравнивание последовательностей

Парное выравнивание последовательностей: глобальное (алгоритм Нидлмана-Вунша) и локальное (алгоритм Смита-Уотермана) выравнивание. Матрицы замен (PAM, BLOSSUM). Точечная матрица (dot-plot). BLAST. Множественное выравнивание последовательностей: этапы выравнивания. Clustal Omega, MUSCLE, MAFFT, T-Coffee.

Тема 5. Филогенетический анализ

Определение и гипотезы молекулярной эволюции. Основы филогенетического анализа: элементы филогенетического дерева, особенности строения филогенетических деревьев, подходы к филогенетическому анализу, методы построения филогенетических деревьев, этапы филогенетического анализа. Построение филогенетического дерева с помощью MEGA11, MAFFT.

3.4.Тематика семинарских/практических и лабораторных занятий

3.4.1. Практические занятия

Тема 1. Предмет биоинформатики. Классификация баз данных Типы данных в биоинформатике. Базы данных ДНК, РНК, белков, экспрессии, путей, заболеваний, геномные браузеры.	Доклады
Тема 2. NCBI PubMed. GenBank. RefSeq. Формат FASTA. Gene. Genome	Доклады
Тема 3. Геномы и протеомы Геномика. Картографирование генома. Методы секвенирования ДНК. Протеомика. Структура белков и информация. Биоинформатика в медицине.	Доклады
Тема 4. Выравнивание последовательностей Парное выравнивание последовательностей: глобальное (алгоритм Нидлмана-Вунша) и локальное (алгоритм Смита-Уотермана) выравнивание. Матрицы замен (PAM, BLOSSUM). Точечная матрица (dot-plot).	Доклады

BLAST. Множественное выравнивание последовательностей: этапы выравнивания.	
Тема 5. Филогенетический анализ Определение и гипотезы молекулярной эволюции. основы филогенетического анализа: элементы филогенетического дерева, особенности стро-ения филогенетических деревьев, подходы к филогенетическому анализу, методы построения филогенетических деревьев, этапы филогенетического ана-лиза. Построение филогенетического дерева с помощью MEGA11, MAFFT.	Доклады

4. Учебно-методическое и информационное обеспечение

4.1 Основная литература:

1. Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 249 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-20194-9. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: https://urait.ru/bcode/583663

4.2 Дополнительная литература:

2. C. A. Floudas etc. Optimization in Computational Chemistry and Molecular Biology.Local and Global Approaches [Электронный ресурс]. – Springer, 2000. – 342 p. ISBN: 978-1-4757-3218-4 (Online) https://www.researchgate.net/publication/321596837_Optimization_in_Computational_Chemistry_and_Molecular_Biology_Local_and_Global_Approaches

3. Stephen A. Krawetz etc. Introduction to Bioinformatics. A Theoretical and Practical Approach [Электронный ресурс]. – Springer, 2003. – 746 p. ISBN: 978-1-59259-335-4 (Online) https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-59259-335-4

4. Jonathan M. Keith. Bioinformatics. Structure, Function and Applications [Электронный ресурс]. – Springer, 2008. – 502 p. ISBN: 978-1-60327-429-6 (Online) https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4939-6613-4

5. Хёльтье Х.-Д., Зиппль В. Роньян Д., Фолькерс Г. Молекулярное моделирование: теория и практика [Электронный ресурс]. М.: Бином. Лаб. знаний, 2015. - 322 с. ISBN 978-5-9963-2401-9 https://books.mipt.ru/book/301428

4.3 Электронные образовательные ресурсы

ЭОР не разработан.

4.4 Программное обеспечение и Интернет-ресурсы:

Программное обеспечение:

1. Microsoft Windows 8/7/Vista/XP/ / OpenSuse/ CentOS
2. Microsoft Offcie (Word, Excel, Outlook, PowerPoint)2003/2007/2010/2013
3. Веб-сервис сайта http://www.clustal.org/
4. Веб-сервис сайта https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi
5. Веб-сервис сайта http://www.ebi.ac.uk/Tools/emboss/
6. ClustalW
7. Pymol
8. http:// uniprot.org/ – SWISS-PROT|UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt
9. http://www.expasy.org/sprot/ – базы данных Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервере ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарского Института Биоинформатики SIB
10. http://www.ebi.ac.uk/uniprot/ – база данных UniProt на сервере Европейского института биоинформатики (European Bioinformatics Institute, EBI)
11. http://www.jcbi.ru/ – Объединенный Центр вычислительной биологии и биоинформатики, русскоязычный информационный сайт с Web-адресами и краткой характеристикой молекулярно-биологических баз данных
12. http://www.ebi.ac.uk/services – Биоинформатические сервисы, представленные на портале европейского института биоинформатики
13. http://bioinformatics.ru/en/Resources/Books/ - Список учебной литературы
14. http://www.reactome.org/ - база данных метаболических путей
15. http://www.kegg.jp/kegg/ - база данных метаболических путей
16. http://www.rcsb.org/ – Protein Data Bank, база данных PDB.
17. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ (http://www.pubmed.com/) – сервер Национального центра биотехнологической информации США (NCBI): базы данных GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene и др.
18. http://www.genebee.msu.su/ – регулярно обновляемая копия (зеркало) базы компании GeneBio в России, на сайте Института физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского
19. http://www1.fips.ru/wps/wcm/connect/content_ru/ru - РОСПАТЕНТ
20. http://patft.uspto.gov/ - United States Patent and Trademark Office Бесплатная патентная база.
21. www.febs.org/ - Официальный сайт Федерации европейских биохимических обществ.
22. www.chemport.org/ - Научные издания в области биохимии, химии и смежных наук.
23. www.molbiol.ru/ - Учебники, научные монографии, обзоры, лабораторные практикумы в свободном доступе на сайте практической молекулярной биологии.
24. www.chem.qmul.ac.uk/ - биохимическая классификация и номенклатура. Свободный доступ на сайте Международного союза биохимии и молекулярной биологии.
25. www.scopus.com (Scopus) – единая реферативная и

наукометрическая база данных (индекс цитирования) (доступ в библиотеке МАМИ)

26. www.scincedirect.com/ (Архивные коллекции журналов издательства Elsevier) –архивные коллекции различных тематик, в том числе Biochemistry, Engineering and Technology.

27. http://cyberleninka.ru/article/c/biotehnologiya - научная электронная библиотека «КИБЕРЛЕНИНКА»

28. http://www.springerprotocols.com/ - доступ к базе данных SpringerLink

29. http://grebennikon.ru/ - электронная библиотека Grebennicon

30. http://login.webofknowledge.com/ - ресурсы на платформе Web of Knowledge

При осуществлении образовательного процесса по дисциплине используются следующие информационно-телекоммуникационные технологии:

Лекции с использованием презентаций в PowerPoint и доступом к биоинформатическим сервисам и базам данных

Практические занятия с пакетами программ для работы с последовательностями (EMBOSS); ClustalW, ClustalX (веб-сервис сайта http://www.clustal.org/); Pymol, и базами данных NCBI и Uniprot- GenBank, EMBL Nucleotide, Swiss-Prot, и др.;

Самостоятельная работа студентов с базами данных:
www.ncbi.nlm.nih.gov/PubMed - Свободный доступ в базу научных данных в области биомедицинских наук MedLine http://www.kegg.jp/kegg/ - база данных метаболических путей

http://www.uniprot.org/ - Сервер протеомной информации

1. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ Портал национального центра биотехнологической информации

5. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Аудитория для лекционных и семинарских занятий общего фонда, оборудованные компьютерами. Столы учебные со скамьями, аудиторная доска, переносной мультимедийный комплекс (проектор, проекционный экран, ноутбук). Рабочее место преподавателя: стол, стул, компьютер.

6. Методические рекомендации

6.1. Методические указания для обучающихся при работе над конспектом лекций во время проведения лекции

Лекция – систематическое, последовательное, монологическое изложение преподавателем учебного материала, как правило, теоретического характера. При подготовке лекции преподаватель руководствуется рабочей программой дисциплины. В процессе лекций рекомендуется вести конспект, что позволит впоследствии вспомнить изученный учебный материал, дополнить содержание при самостоятельной работе с литературой, подготовиться к экзамену.

Следует также обращать внимание на категории, формулировки,

раскрывающие содержание тех или иных явлений и процессов, научные выводы и практические рекомендации, положительный опыт в ораторском искусстве. Желательно оставить в рабочих конспектах поля, на которых делать пометки из рекомендованной литературы, дополняющие материал прослушанной лекции, а также подчеркивающие особую важность тех или иных теоретических положений.

Выводы по лекции подытоживают размышления преподавателя по учебным вопросам. Преподаватель приводит список используемых и рекомендуемых источников для изучения конкретной темы. В конце лекции обучающиеся имеют возможность задать вопросы преподавателю по теме лекции. При чтении лекций по дисциплине могут использоваться электронные мультимедийные презентации.

Методические указания для обучающихся при работе на семинаре

Семинары реализуются в соответствии с рабочим учебным планом при последовательном изучении тем дисциплины. В ходе подготовки к семинарам обучающемуся рекомендуется изучить основную литературу, ознакомиться с дополнительной литературой, новыми публикациями в периодических изданиях: журналах, газетах и т.д. При этом следует учесть рекомендации преподавателя и требования учебной программы. Рекомендуется также дорабатывать свой конспект лекции, делая в нем соответствующие записи из литературы, рекомендованной преподавателем и предусмотренной учебной программой. Следует подготовить тезисы для выступлений по всем учебным вопросам, выносимым на семинар.

Поскольку активность обучающегося на семинарских занятиях является предметом контроля его продвижения в освоении курса, подготовка к семинарским занятиям требует ответственного отношения. На интерактивных занятиях студенты должны проявлять активность.

Методические указания для обучающихся по организации самостоятельной работы

Самостоятельная работа обучающихся направлена на самостоятельное изучение отдельной темы учебной дисциплины. Самостоятельная работа является обязательной для каждого обучающегося, ее объем по определяется учебным планом. При самостоятельной работе студент взаимодействует с рекомендованными материалами при участии преподавателя в виде консультаций. Для выполнения самостоятельной работы предусмотрено Методическое обеспечение. Электронно-библиотечной система (электронная библиотека) университета обеспечивает возможность индивидуального доступа каждого обучающегося из любой точки, в которой имеется доступ к сети Интернет.

6.2. Методические рекомендации для преподавателя (Методические рекомендации по составлению презентаций)

Презентация (от английского слова - представление) – это набор цветных картинок-слайдов на определенную тему, который хранится в файле специального формата с расширением PP. Термин «презентация» (иногда

говорят «слайд-фильм») связывают, прежде всего, с информационными и рекламными функциями картинок, которые рассчитаны на определенную категорию зрителей (пользователей).

Мультимедийная компьютерная презентация – это:

- динамический синтез текста, изображения, звука;
- самые современные программные технологии интерфейса;
- интерактивный контакт докладчика с демонстрационным материалом;
- мобильность и компактность информационных носителей и оборудования;
- способность к обновлению, дополнению и адаптации информации;
- невысокая стоимость.

Правила оформления компьютерных презентаций

Общие правила дизайна

Многие дизайнеры утверждают, что законов и правил в дизайне нет. Есть советы, рекомендации, приемы. Дизайн, как всякий вид творчества, искусства, как всякий способ одних людей общаться с другими, как язык, как мысль — обойдет любые правила и законы.

Однако, можно привести определенные рекомендации, которые следует соблюдать, во всяком случае, начинающим дизайнерам, до тех пор, пока они не почувствуют в себе силу и уверенность сочинять собственные правила и рекомендации.

Правила шрифтового оформления:

- Шрифты с засечками читаются легче, чем гротески (шрифты без засечек);
- Для основного текста не рекомендуется использовать прописные буквы.
- Шрифтовой контраст можно создать посредством: размера шрифта, толщины шрифта, начертания, формы, направления и цвета.
- Правила выбора цветовой гаммы.
- Цветовая гамма должна состоять не более чем из двух-трех цветов.
- Существуют не сочетаемые комбинации цветов.
- Черный цвет имеет негативный (мрачный) подтекст.
- Белый текст на черном фоне читается плохо (инверсия плохо читается).

Рекомендации по дизайну презентации

Чтобы презентация хорошо воспринималась слушателями и не вызывала отрицательных эмоций (подсознательных или вполне осознанных), необходимо соблюдать правила ее оформления.

Презентация предполагает сочетание информации различных типов: текста, графических изображений, музыкальных и звуковых эффектов, анимации и видеофрагментов. Поэтому необходимо учитывать специфику комбинирования фрагментов информации различных типов. Кроме того, оформление и демонстрация каждого из перечисленных типов информации также подчиняется определенным правилам. Так, например, для текстовой информации важен выбор шрифта, для графической — яркость и насыщенность цвета, для наилучшего их совместного восприятия необходимо оптимальное взаиморасположение на слайде.

Рассмотрим рекомендации по оформлению и представлению на экране материалов различного вида.

Оформление текстовой информации:

- размер шрифта: 24-54 пункта (заголовок), 18-36 пунктов (обычный текст);
- цвет шрифта и цвет фона должны контрастировать (текст должен хорошо читаться), но не резать глаза;
- тип шрифта: для основного текста гладкий шрифт без засечек (Arial, Tahoma, Verdana), для заголовка можно использовать декоративный шрифт, если он хорошо читаем;
- курсив, подчеркивание, жирный шрифт, прописные буквы рекомендуется использовать только для смыслового выделения фрагмента текста.

Оформление графической информации:

- рисунки, фотографии, диаграммы призваны дополнить текстовую информацию или передать ее в более наглядном виде;
- желательно избегать в презентации рисунков, не несущих смысловой нагрузки, если они не являются частью стилевого оформления;
- цвет графических изображений не должен резко контрастировать с общим стилевым оформлением слайда;
- иллюстрации рекомендуется сопровождать пояснительным текстом;
- если графическое изображение используется в качестве фона, то текст на этом фоне должен быть хорошо читаем.

Содержание и расположение информационных блоков на слайде:

- информационных блоков не должно быть слишком много (3-6);
- рекомендуемый размер одного информационного блока — не более 1/2 размера слайда;
- желательно присутствие на странице блоков с разнотипной информацией (текст, графики, диаграммы, таблицы, рисунки), дополняющей друг друга;
- ключевые слова в информационном блоке необходимо выделить;
- информационные блоки лучше располагать горизонтально, связанные по смыслу блоки — слева направо;
- наиболее важную информацию следует поместить в центр слайда;
- логика предъявления информации на слайдах и в презентации должна соответствовать логике ее изложения.

Помимо правильного расположения текстовых блоков, нужно не забывать и об их содержании — тексте. В нем ни в коем случае не должно содержаться орфографических ошибок. Также следует учитывать общие правила оформления текста.

После создания презентации и ее оформления, необходимо отрепетировать ее показ и свое выступление, проверить, как будет выглядеть презентация в целом (на экране компьютера или проекционном экране), насколько скоро и адекватно она воспринимается из разных мест аудитории, при разном освещении, шумовом сопровождении, в обстановке, максимально

приближенной к реальным условиям выступления.

7. Фонд оценочных средств

7.1. Методы контроля и оценивания результатов обучения

До даты проведения промежуточной аттестации студент должен выполнить все работы, предусмотренные настоящей рабочей программой дисциплины. А именно – устный опрос, доклад на семинарском занятии.

7.2. Шкала и критерии оценивания результатов обучения

В процессе освоения образовательной программы компетенции, в том числе их отдельные компоненты, формируются поэтапно в ходе освоения обучающимися дисциплин (модулей), практик в соответствии с учебным планом и календарным графиком учебного процесса.

Показателем оценивания компетенций на различных этапах их формирования является достижение обучающимися планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю).

Форма промежуточной аттестации: зачет.

Шкалы оценивания результатов промежуточной аттестации и их описание:

Шкала оценивания	***Описание***
Зачтено	*Выполнены все виды учебной работы, предусмотренные учебным планом. Студент демонстрирует соответствие знаний, умений, навыков приведенным в таблицах показателей, оперирует приобретенными знаниями, умениями, навыками, применяет их в ситуациях повышенной сложности. При этом могут быть допущены незначительные ошибки, неточности, затруднения при аналитических операциях, переносе знаний и умений на новые, нестандартные ситуации.*
Не зачтено	*Не выполнен один или более видов учебной работы, предусмотренных учебным планом. Студент демонстрирует неполное соответствие знаний, умений, навыков приведенным в таблицах показателей, допускаются значительные ошибки, проявляется отсутствие знаний, умений, навыков по ряду показателей, студент испытывает значительные затруднения при оперировании знаниями и умениями при их переносе на новые ситуации.*

Промежуточная аттестация обучающихся в форме зачета проводится по результатам выполнения всех видов учебной работы, предусмотренных учебным планом по данной дисциплине (модулю), при этом учитываются результаты текущего контроля успеваемости в течение семестра. Оценка степени

достижения обучающимися планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю) проводится преподавателем, ведущим занятия по дисциплине (модулю) методом экспертной оценки. По итогам промежуточной аттестации по дисциплине (модулю) выставляется оценка зачтено или не зачтено.

К промежуточной аттестации допускаются только студенты, выполнившие все виды учебной работы, предусмотренные рабочей программой по дисциплине.

7.3. Оценочные средства по дисциплине «Введение в профессию»

№ ОС	Наименование оценочного средства	Краткая характеристика оценочного средства	Представление оценочного средства в ФОС
1	Доклад, сообщение (ДС)	Продукт самостоятельной работы студента, представляющий собой публичное выступление по представлению полученных результатов решения определенной учебно- практической, учебно-исследовательской или научной	Темы докладов, сообщений
2	Зачет	Итоговая форма оценки знаний. В высших учебных заведениях проводятся во время экзаменационных сессий.	Вопросы к зачету

7.3.1. Текущий контроль

Вопросы к устному опросу по теме 1
1. Особенность биоинформационных данных.
2. Цели и задачи биоинформатики.
3. Перспективы применения биоинформатики.
4. Информация в молекулярной биологии и генетике.

Практическая работа №1
1. На сайте NCBI откройте запись DNA человеческого P53 в формате FASTA, найдите:
- уникальный номер (идентификатор) последовательности;
- описание последовательности;
- саму последовательность.

Сохраните данную запись в виде файла.
2. Найдите на сервисе EMBL-EBI (http://www.ebi.ac.uk/) по запросу P53 информацию о данном белке:
- с какого браузера взяты данные,
- сколько транскриптов и экзонов у P53,
- с какими заболеваниями ассоциирован этот белок.

3. На главной странице KEGG http://www.kegg.jp/kegg/ вверху в строке поиска

введите p53, посмотрите результаты поиска по разным разделам. Найдите:

- соответствующую карту сигнального пути p53,
- ассоциированные с ним заболевания,
- ортологи.

Выравнивание биологических последовательностей

Практическая работа №2

1. Выполните парное глобальное и локальное выравнивание последовательностей

А. гемоглобин α и β человека:

• hemoglobin subunit alpha [Homo sapiens] NP_000549.1,

• hemoglobin subunit beta [Homo sapiens] NP_000509.1,

Б. рибонуклеаза муравья и лизоцим С человека:

• ribonuclease [Ooceraea biroi] GenBank: EZA49641.1,

• lysozyme C precursor [Homo sapiens] NP_000230.1.

Задайте различные параметры выравнивания: матрица замен, штраф за начало и продолжение гэпа.

Оцените результаты выравнивания: идентичность, сходство, счет.

Заполните таблицу результатов для глобального и локального выравнивания последовательностей из пп. А и Б:

Параметры	Идентичность	Сходство	Счет
BLOSUM80, gap open 10, gap extend 1			
BLOSUM80, gap open 5, gap extend 0,5			
BLOSUM80, gap open 1, gap extend 0,1			
BLOSUM62, gap open 10, gap extend 1			
BLOSUM62, gap open 5, gap extend 0,5			
BLOSUM62, gap open 1, gap extend 0,1			
BLOSUM40, gap open 10, extend 1			
BLOSUM40, gap open 5, gap extend 0,5			
BLOSUM40, gap open 1, gap extend 0,1			

2. Определите, к какому белку может принадлежать часть последовательности. Для этого в программе blastp введите в окно запроса:

YRELVLMKCVNHKNIIGLLNYFTPQKSLEE (30 аминокислот). Можно ли определить, к белкам какого суперсемейства принадлежит данная последовательность? Определите, какие белки найдены, каковы результаты для 30 наилучших выравниваний (E-value, S, идентичность). В Search Summary изучите параметры программы при работе с последовательностями данной длины, занесите их в таблицу:

Параметры поиска	**Значение параметра**
Word size	
Expect value	
Gapcosts	
Matrix	
Window size	

3. Найдите гомологи для белка NP_001265477.1. Выберите blastp и определите гомологи в соответствии с таксономией:

а) для человека Homo sapiens;

б) мыши Mus musculus.

Практическая работа №3

1. Построение филогенетического дерева с помощью MEGA и MAFFT.

Перечень последовательностей для построения:

А1. Последовательности киназ MAPK 8 (приматы):

человек – mitogen-activated protein kinase 8 [Homo sapiens (human)] NM_001278547.1

макака-резус – mitogen-activated protein kinase 8 [Macaca mulatta (Rhesus monkey)] XM_015146981.1

шимпанзе – mitogen-activated protein kinase 8 [Pan troglodytes (chimpanzee)] XM_016918221.1

горилла – mitogen-activated protein kinase 8 [Gorilla gorilla (western gorilla)] XM_019035139.1

крыса – collagen type I alpha 1 chain [Rattus norvegicus (Norway rat)] NM_053304.1

А2. Последовательности киназ MAPK 8 (разные таксоны):

зеленые водоросли Volvox – mitogen-activated protein kinase 8 [Volvox carteri f. nagariensis] XM_002955292.1

томат – mitogen-activated protein kinase 8 [Solanum lycopersicum (tomato)] XM_010317553.2

атлантический лосось – mitogen-activated protein kinase 8 [Salmo salar (Atlantic salmon)] XM_014198796.1

морская черепаха – mitogen-activated protein kinase 8 [Chelonia mydas (green sea turtle)] XM_007069110.1

курица – mitogen-activated protein kinase 8 [Gallus gallus (chicken)] XM_015288441.1

человек – mitogen-activated protein kinase 8 [Homo sapiens (human)] NM_001278547.1

Б1. Последовательности коллагенов (моллюски):

морской заяц — collagen alpha-1(1) chain-like [Aplysia californica (California sea hare)] XM_005093740.2

пресноводная улитка — collagen alpha-1(1) chain-like [Biomphalaria glabrata] XM_013219569.1

восточная устрица – collagen alpha-1(1) chain-like [Crassostrea virginica (eastern oyster)] XM_022469964

приморский гребешок – collagen alpha-1 (I) chain-like [Mizuhopecten yessoensis (Yesso scallop)] XM_021495994.1

тихоокеанская устрица – collagen alpha-1(1) chain [Crassostrea gigas (Pacific oyster)] XM_020066562.1

Б2. Последовательности коллагенов (разные таксоны):

человек – collagen type I alpha 1 chain [Homo sapiens (human)] NM 000088.3

африканский слон – collagen type I alpha 1 chain [Loxodonta africana (African

savanna elephant)] XM_010594342.1
красноногий ибис – collagen type I alpha 1 chain [Nipponia nippon (crested ibis)] XM_009464616.1
дрожжи – collagen alpha-1 (IV) chain [Wickerhamomyces ciferrii] XM_011273917.1
подсолнечник – collagen alpha-1(1) chain-like [Helianthus annuus (common sunflower)] XM_022140664.1

7.3.2. Промежуточный контроль
Перечень вопросов к зачету по дисциплине «Биоинформатика»

1. Базы данных и их классификация.
2. Биологические базы данных: примеры и способы использования.
3. Поиск информации в биологических базах данных.
4. Понятия гомологии, подобия и идентичности биологических последовательностей.
5. Матрицы весов. Статистическая значимость выравнивания биологических последовательностей.
6. Классификация способов поиска в базах данных.
7. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).
8. Формат FASTA.
9. Поиск в базе данных методом Смита-Уотермана.
10. Молекулярная эволюция и молекулярная филогенетика.
11. Филогения генов vs. филогения видов.
12. Уровни организации протеинов.
13. Базы данных структур протеинов.
14. Визуализация, сравнение и классификация структур протеинов.
15. Предмет биоинформатики: особенность биоинформационных данных, цели и задачи биоинформатики, перспективы применения биоинформатики.
16. Биологические последовательности: информация в молекулярной биологии и генетике.
17. Типы данных в биоинформатике.
18. Базы данных ДНК, РНК, белков, экспрессии, путей, заболеваний, геномные браузеры.
19. Парное выравнивание последовательностей: глобальное (алгоритм Нидлмана-Вунша) и локальное (алгоритм Смита-Уотермана) выравнивание.
20. Матрицы замен (PAM, BLOSSUM).
21. Точечная матрица (dot-plot).
22. Множественное выравнивание последовательностей: этапы

выравнивания.

23. Определение и гипотезы молекулярной эволюции.
24. Основы филогенетического анализа: элементы филогенетического дерева, особенности строения филогенетических деревьев, подходы к филогенетическому анализу, методы построения филогенетических деревьев, этапы филогенетического анализа.
25. Построение филогенетического дерева с помощью MEGA11, MAFFT.