Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Максимов Алексей Борисович
Должность: директор департамента по образовательной политике
Дата подписания: 24.05.2024 10:13:05
Уникальный программный ключ:
8db180d1a3f02ac9e60521a5672742735c18b1d6

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«МОСКОВСКИЙ ПОЛИТЕХНИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»
(МОСКОВСКИЙ ПОЛИТЕХ)

Факультет химической технологии и биотехнологии

УТВЕРЖДАЮ
Декан
/А.С. Соколов /
февраля 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

«Информационные технологии в биотехнологии и биоинженерии»

Направление подготовки
19.04.01 Биотехнология

Профиль
«Промышленная биотехнология и биоинженерия»

Квалификация
Магистр

Формы обучения
Очная

Москва, 2024 г.

Разработчики:

доцент, к.т.н. / Д.В. Зубов/

Согласовано:

Заведующий кафедрой,

к.б.н., доцент /Л.И. Салитринник/

1. Цели, задачи и планируемые результаты обучения по дисциплине

Основной целью освоения дисциплины «Информационные технологии в биотехнологии и биоинженерии» является формирование знаний о современных информационных технологиях, методах получения, хранения и способах работы с биологическими данными.

К основным задачам освоения дисциплины «Информационные технологии в биотехнологии и биоинженерии» следует отнести:

– знакомство с возможностями информационных технологий и, в частности, больших данных и искусственного интеллекта применительно к биотехнологии и биоинженерии;

– принципами организации баз данных научной информации;

– приобретение навыков использования инструментов информационных технологий.

Обучение по дисциплине «Информационные технологии в биотехнологии и биоинженерии» направлено на формирование у обучающихся следующих компетенций:

Код и наименование компетенций	Индикаторы достижения компетенции
ОПК-2. Способен использовать специализированное программное обеспечение, базы данных, адаптировать известные программные продукты, элементы искусственного интеллекта для решения задач профессиональной деятельности	ИОПК-2.1. Знает основы биоинформатики и понимает значение информационной технологии в жизни общества и профессиональной работе ИОПК-2.2. Умеет применять методы математического планирования экспериментов и компьютерного моделирования полученных результатов исследований ИОПК-2.3. Владеет навыками использования средств вычислительной техники, баз данных, программных продуктов и ресурсов Интернета для решения задач профессиональной деятельности
ОПК-5. Способен планировать и проводить комплексные экспериментальные и расчетно-теоретические исследования по разработанной программе, критически анализировать, обобщать интерпретировать полученные экспериментальные данные	ИОПК-5.1. Знает методы планирования, организации и проведения научно-исследовательских работ в области биотехнологии ИОПК-5.2. Готов организовывать и проводить научно-исследовательские работы в области биотехнологии ИОПК-5.3. Владеет методами теоретического анализа и экспериментальной оценки теоретических гипотез

2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина относится к обязательной части блока Б1 Дисциплины (модули).

Дисциплина «Информационные технологии в биотехнологии и биоинженерии» взаимосвязана логически и содержательно-методически со следующими дисциплинами и практиками: «Методология научного познания», «Учебная (педагогическая) практика».

3. Структура и содержание дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 6 зачетных единиц (216 часов).

3.1. Виды учебной работы и трудоемкость

№ п/п	Вид учебной работы	Количество часов	Семестры	
			2	3
1	**Аудиторные занятия**	**90**	**54**	**36**
	В том числе:			
1.1	Лекции	18	18	-
1.2	Семинарские/практические занятия	36	36	-
1.3	Лабораторные занятия	36	-	36
2	**Самостоятельная работа**	**18**	**9**	**9**
3	**Промежуточная аттестация**			
	зачет, экзамен			
	Итого	**108**	**63**	**45**

3.2. Тематический план изучения дисциплины

№ п/п	Разделы/темы дисциплины	Трудоемкость, час					
		Всего	Аудиторная работа				Самостоятельная работа
			Лекции	Семинарские/ практические занятия	Лабораторные занятия	Практическая подготовка	
1.	Тема 1. Информационные технологии в биотехнологиях и биоинженерии	12	2	4	4	-	2
2.	Тема 2. Математические основы информационных технологий в биотехнологиях	16	2	6	6	-	2
3.	Тема 3. Биоинформатика	12	2	4	4	-	2
4.	Тема 4. Базы данных нуклеотидных последовательностей	12	2	4	4	-	2
5.	Тема 5. Парное выравнивание последовательностей	16	2	6	6	-	2
6.	Тема 6. Строение и функции белков	12	2	4	4	-	2
7.	Тема 7. Методы моделирования и оценки взаимодействий белков с лигандами и ДНК	16	4	4	4	-	4
8.	Тема 8. Анализ профилей экспрессии генов	12	2	4	4	-	2
	Итого	**108**	**18**	**36**	**36**	**-**	**18**

3.3. Содержание дисциплины

Тема 1. Информационные технологии в биотехнологиях и биоинженерии

Общий обзор возможностей современных информационных технологий. Особенности биотехнологий с точки зрения контроля. Биоинженерия. Биоинженерия, как информационный процесс. Типовые задачи биоинженерии. Особенности информационных задач в биотехнология. Концепция больших данных. Технические проблемы, возникающие при работе с большими данными. Этические и законодательные ограничения. Искусственный интеллект. Задачи, успешно решаемые с помощью искусственного интеллекта.

Тема 2. Математические основы информационных технологий в биотехнологиях

Особенности математических моделей в биотехнологии. Планирование эксперимента и построение экспериментальных моделей биотехнологических объектов и систем. Оценка необходимого количества экспериментов, оценка требуемого объёма базы данных. Использование ДСМ-метода. Применение ДСМ метода для формирования гипотез о биологических свойствах химических веществ. Методика формирования гипотез, методы и критерии для их проверки.

Тема 3. Биоинформатика

Предмет и задачи биоинформатики. История возникновения и развитие биоинформатики как отдельной науки. Основные направления современной биоинформатики (структурная и функциональная геномика, и протеомика). Методы получения биологических данных. Работа с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые).

Тема 4. Базы данных нуклеотидных последовательностей

Основные базы данных: GenBank, RefSeq, Nucleotide, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (Pfam, InterPro, SCOP), базы данных метаболических путей и белок-белковых взаимодействий (KEGG, Reactome) Направленный поиск по базам данных. Методы получения нуклеотидных последовательностей. Секвенирование I,II и III поколения.

NCBI. Виртуальные базы NCBI: GeneBank, Nucleotide, Pubmed, OMIM, SNP, GEO.

Идентификаторы записей в банке GeneBank. Структура записи GeneBank.

Геномная информация. Координаты гена, поиск соседних генов.

Поиск кодирующих областей гена. Сохранение последовательностей FASTA.

Поиск по базам NCBI. ENTREZ.

Тема 5. Парное выравнивание последовательностей

Работа с последовательностями. Парное выравнивание: локальное, глобальное. Поиск последовательностей BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Поиск маршрута выравнивания. Динамическое программирование. Оценка выравнивания: матрицы замен, штрафы за делеции. Определения и терминология выраваниваний. Алгоритмы Смитта-Ватермана и Нидлмана-Вунша. Пакет программ для построения выравниваний EMBOSS.

Применение локального выравнивая для поиска последовательностей. BLAST.

Основы BLAST: оценочная функция (BitScore), хэш-таблицы.

Оптимизация поиска последовательностей.

Тема 6. Строение и функции белков

Структурная биоинформатика. Основные методы и их применение. Методы расшифровки и предсказания пространственных структур. Представление пространственных структур в биоинформатике. Банки пространственных структур. Банк PDB. Поиск по банку данных PDB и сохранение результатов. Формат записи PDB.

Тема 7. Методы моделирования и оценки взаимодействий белков с лигандами и ДНК

Молекулярный докинг. Две задачи молекулярного докинга- генерация конформаций и оценка. Подготовка структур и примеры запуска.

Молекулярная динамика. Молекулярная механика vs квантовая механика. Силовое поле. Подготовка и запуск молекулярной динамики.

Тема 8. Анализ профилей экспрессии генов

Экспрессия генов. Методы оценки экспрессии генов: гибридизационные микрочипы и секвенирование трансриптома. Статистическая обработка экспрессионных данных. Базы экспрессионных данных.

3.4. Тематика семинарских/практических и лабораторных занятий

3.4.1. Семинарские/практические занятия

1. Информационные технологии в биотехнологиях и биоинженерии
2. Математические основы информационных технологий в биотехнологиях
3. Биоинформатика
4. Базы данных нуклеотидных последовательностей
5. Парное выравнивание последовательностей
6. Строение и функции белков
7. Методы моделирования и оценки взаимодействий белков с лигандами и ДНК
8. Анализ профилей экспрессии генов

3.4.2. Лабораторные занятия

1. Формализация, классификация и методы решения оптимизационных задач в биотехнологии.
2. Изучение возможностей надстройки “Поиск решения” Microsoft Excel, решение с её помощью оптимизационных задач.
3. Применение регрессионного анализа для решения биотехнологических и биоинженерных задач.
4. Статистические методы анализа адекватности математических моделей в биотехнологии.
5. Работа в Jupiter Notebook: использование средств визуализации, математической статистики и оптимизации.
6. Подготовка датасетов. Использование сервиса Robolow для подготовки датасета и создания системы распознавания изображений.
7. Работа в Jupiter Notebook: создание, обучение и использование нейросетей.
8. Моделирование динамики ферментации.
9. Подбор кинетических параметров процесса ферментации.
10. Анализ работы автоматической системы стабилизации температурного режима в ферментаторе: симуляция поведения АСР температуры при воздействии на объект управления разных возмущающих воздействий.

4. Учебно-методическое и информационное обеспечение

4.1. Основная литература

1. Автоматизированные системы обработки информации и управления качеством нанопродукции : учеб. пособие / Т. Б. Чистякова [и др.] ; СПбГТИ(ТУ). Каф. систем автоматизир. проектирования и упр. – СПб. : [б. и.], 2013. – 87 с. (ЭБ)
2. Володченкова, Л.А. Биоинформатика : [16+] / Л.А. Володченкова ; Министерство образования и науки РФ, Омский государственный университет им. Ф. М. Достоевского. – Омск : ОмГУ им. Ф.М. Достоевского, 2018. – 44 с. : ил. – Режим доступа: по подписке. – URL: http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=563147.
3. Гумеров, А. М. Математическое моделирование химико-технологических процессов : учеб. пособие для вузов / А. М. Гумеров. – 2-е изд., перераб. – СПб. ; М. ; Краснодар : Лань, 2014. – 176 с. (ЭБС «Лань»).

4. Марков, Ю. Г. Математические модели химических реакций : учебник / Ю. Г. Марков, И. В. Маркова. – СПб. ; М. ; Краснодар : Лань, 2013. – 192 с. (ЭБС «Лань»)
5. Норенков, И. П. Автоматизированные информационные системы : учеб. пособие для вузов / И. П. Норенков. – М. : Изд-во МГТУ им. Н.Э. Баумана, 2011. – 342 с.
6. Федотова, Е. Л. Информационные технологии в науке и образовании : учеб. пособие / Е. Л. Федотова, А. А. Федотов. – М. : Форум ; М. : ИНФРА-М, 2011. – 334 с.
7. Харазов, В. Г. Интегрированные системы управления технологическими процессами : учеб. пособие для вузов / В. Г. Харазов. – 3-е изд., перераб. и доп. – СПб. : Профессия, 2013. – 655 с.

4.2. Дополнительная литература

1. Jonathan M. Keith. Bioinformatics. Structure, Function and Applications [Электронный ресурс]. – Springer, 2008. – 502 p. ISBN: 978-1-60327-429-6 (Online)
2. 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

4.3. Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение

1. Программы пакета Microsoft Office (Word, Excel, PowerPoint).

4.4. Современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы

1. 1. https://online.mospolytech.ru/ - СДО Московского Политеха
2. http:// uniprot.org/ – SWISS-PROT|UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt
3. http://www.expasy.org/sprot/ – базы данных Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервере ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарского Института Биоинформатики SIB
4. http://www.ebi.ac.uk/uniprot/ – база данных UniProt на сервере Европейского института биоинформатики (European Bioinformatics Institute, EBI)
5. http://www.jcbi.ru/ – Объединенный Центр вычислительной биологии и биоинформатики, русскоязычный информационный сайт с Web-адресами и краткой характеристикой молекулярно-биологических баз данных
6. http://www.ebi.ac.uk/services – Биоинформатические сервисы, представленные на портале европейского института биоинформатики
7. http://bioinformatics.ru/en/Resources/Books/ - Список учебной литературы
8. http://www.reactome.org/ - база данных метаболических путей
9. http://www.kegg.jp/kegg/ - база данных метаболических путей
10. http://www.rcsb.org/ – Protein Data Bank, база данных PDB.

5. Материально-техническое обеспечение

Класс базовых информационных процессов и технологий: учебная мебель, доска. Персональные компьютеры, объединенные в корпоративную вычислительную сеть и имеющие выход в сеть «Интернет».

Лекционная аудитория: учебная мебель, мультимедийный проектор, ноутбук. Мультимедийная интерактивная доска ScreenMedia.

Реализация образовательной программы обеспечивается доступом каждого студента к информационным ресурсам – библиотечному фонду и сетевым ресурсам Интернет.

6. Методические рекомендации

6.1. Методические рекомендации для преподавателя по организации обучения

Основным требованием к преподаванию дисциплины является творческий, проблемно-диалоговый интерактивный подход, позволяющий повысить интерес студентов к содержанию учебного материала.

Основная форма изучения и закрепления знаний по этой дисциплине – практическая. Преподаватель должен последовательно провести ряд практических занятий, в ходе которых следует сосредоточить внимание на ключевых моментах конкретного теоретического материала, а также организовать проведение семинарских занятий таким образом, чтобы активизировать мышление студентов, стимулировать самостоятельное извлечение ими необходимой информации из различных источников, сравнительный анализ методов решений, сопоставление полученных результатов, формулировку и аргументацию собственных взглядов на многие спорные проблемы.

Основу учебных занятий по дисциплине составляют практические занятия. В процессе обучения студентов используются различные виды учебных занятий (аудиторных и внеаудиторных): семинарские занятия, консультации и т.д. На первом занятии по данной учебной дисциплине необходимо ознакомить студентов с порядком ее изучения, раскрыть место и роль дисциплины в системе наук, ее практическое значение, довести до студентов требования кафедры, ответить на вопросы.

При подготовке к практическим занятиям по курсу «Информационные технологии в биотехнологии и биоинженерии» необходимо продумать план их проведения, ознакомиться с новинками учебной и методической литературы, публикациями периодической печати по теме практического занятия, определить средства материально-технического обеспечения занятия и порядок их использования.

В ходе практического занятия преподаватель должен назвать тему, учебные вопросы, ознакомить студентов с перечнем основной и дополнительной литературы по теме занятия.

Во время первого занятия обосновать место и роль изучаемой темы в учебной дисциплине, раскрыть ее практическое значение, в последующих занятиях необходимо увязать ее тему с предыдущими, не нарушая логики изложения учебного материала. Занятие следует начинать, только чётко обозначив её характер, тему и круг тех вопросов, которые в её ходе будут рассмотрены.

В заключительной части занятия необходимо сформулировать общие выводы по теме, раскрывающие содержание всех поставленных вопросов. Объявить план очередного семинарского занятия, дать краткие рекомендации по подготовке студентов к семинару.

При этом во всех частях занятия необходимо вести диалог со студентами и давать студентам возможность дискутировать между собой.

Цель практических занятий обеспечить контроль усвоения учебного материала студентами, расширение и углубление знаний, полученных ими в ходе самостоятельной работы. Повышение эффективности практических занятий достигается посредством создания творческой обстановки, располагающей студентов к высказыванию собственных взглядов и суждений по обсуждаемым вопросам, желанию у студентов поработать у доски при решении задач.

После каждого практического занятия сделать соответствующую запись в журналах учета посещаемости занятий студентами, выяснить у старост учебных групп причины отсутствия студентов на занятиях. Проводить групповые и индивидуальные консультации студентов по вопросам, возникающим у студентов в ходе их подготовки к текущей и промежуточной аттестации по учебной дисциплине, рекомендовать в помощь учебные и другие материалы, а также справочную литературу.

В практических необходимо вести диалог со студентами и давать студентам возможность дискутировать между собой.

6.2. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины

Успешное изучение курса требует посещения и активной работы на семинарских занятиях, выполнения всех учебных заданий преподавателя, ознакомления с основной и дополнительной литературой. Обучающемуся необходимо регулярно отводить время для повторения пройденного материала, проверяя свои знания, умения и навыки по контрольным вопросам.

Каждый студент должен сам планировать свою самостоятельную работу, исходя из своих возможностей и приоритетов. Это стимулирует выполнение работы, создает более спокойную обстановку, что в итоге положительно сказывается на усвоении материала.

Важно полнее учесть обстоятельства своей работы, уяснить, что является главным на данном этапе, какую последовательность работы выбрать, чтобы выполнить ее лучше и с наименьшими затратами времени и энергии.

Для плодотворной работы немаловажное значение имеет обстановка, организация рабочего места. Нужно добиться, чтобы место работы по возможности было постоянным. Работа на привычном месте делает ее более плодотворной. Продуктивность работы зависит от правильного чередования труда и отдыха. Поэтому каждые час или два следует делать перерыв на 10-15 минут.

При самостоятельной проработке домашних заданий и написания индивидуальных работ студентам рекомендуется пользоваться библиотечным фондом литературы (учебниками и периодическими изданиями), а также методическими указаниями по выполнению самостоятельных работ.

7. Фонд оценочных средств

7.1. Методы контроля и оценивания результатов обучения

Сформированность компетенций при изучении дисциплины определяется посредством оценки соответствия ответов и/или выполнения заданий заявленным индикаторам в рамках мероприятий текущего контроля и промежуточной аттестации (зачета, экзамена).

7.2. Шкала и критерии оценивания результатов обучения

Формы промежуточной аттестации: зачет, экзамен.

Промежуточная аттестация обучающихся в форме зачета и экзамена проводится по результатам выполнения всех видов учебной работы, предусмотренных учебным планом по данной дисциплине, при этом учитываются результаты текущего контроля успеваемости в течение семестра. Оценка степени достижения обучающимися планируемых результатов обучения по дисциплине проводится преподавателем, ведущим занятия по дисциплине методом экспертной оценки. По итогам промежуточной аттестации за первый семестр изучения по дисциплине выставляется оценка «зачтено», «не зачтено», по итогам изучения всей дисциплины выставляется оценка «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» или «неудовлетворительно».

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.

Шкала оценивания	**Описание**
Отлично	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.
Хорошо	Выполнены все виды учебной работы, предусмотренные учебным планом. Студент демонстрирует неполное, правильное соответствие знаний, умений, навыков приведенным в таблицах показателей, либо если при этом были допущены 2-3 несущественные ошибки.
Удовлетворительно	Выполнены все виды учебной работы, предусмотренные учебным планом. Студент демонстрирует соответствие знаний, в котором освещена основная, наиболее важная часть материала, но при этом допущена одна значительная ошибка или неточность.
Неудовлетворительно	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.

7.3. Оценочные средства

Вопросы к открытой форме

1. Биоинформатика: объекты исследования и методы.
2. Основные направления биоинформатики. Примеры практического применения
3. Базы данных биологической информации. Классификация, примеры.
4. Базы данных белковых последовательностей.
5. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот.
6. Банки данных метаболических путей.
7. Базы, содержащие результаты экспериментов по анализу экспрессии.
8. Основные библиографические базы данных.
9. Реализация поиска по базам NCBI: ENTREZ и BLAST
10. Выравнивание двух последовательностей. Матрицы замен.
11. Глобальное и локальное выравнивание, вес выравнивания, матрицы аминокислотных замен.
12. Локальное выравнивание, задачи, примеры.
13. Применение динамического программирования при поиске оптимальное выравнивание последовательностей.
14. Зависимость выравнивания от параметров. Оценка качества выравниваний.
15. Множественное выравнивание. Clustal
16. Алгоритм BLAST. Score, Bit-Score, e-value
17. Скрытые Марковские модели (HMM).
18. Выравнивания и филогения.
19. Третичная структура белка. Фолдинг.
20. Предсказание третичной структуры белка. Моделирование гомологов. Методы, ПО, сервисы.
21. Экспериментальное определение структуры белка. Оценка качества полученной структуры.
22. Ортологи, паралоги, гомологи. Определения, характеристики, поиск.
23. Алгоритмы построения филогенетических деревьев
24. Расшифровка нуклеотидных последовательностей. Секвенирование I, II и III поколения.
25. Понятие нейронные сети: многослойные нейронные сети.
26. Основные задачи использования в бионформатике динамического программирования.
27. Цели и задачи использования базы данных GenBank.
28. Цели и задачи использования базы данных Reactome.
29. Что такое реестр CAS и какую он содержит информацию?
30. Дайте характеристику поисковой системы, обеспечивающей доступ к базам данных молекулярной биологии.
31. Математическая модель и математическое моделирование. Этапы математического моделирования биотехнологических процессов.
32. Формализованное описание биотехнологического процесса как объекта моделирования (управления, исследования, изучения).
33. Постановка задачи математического моделирования биотехнологических процессов. Пример для объекта профессиональной деятельности.
34. Требования, предъявляемые к математическим моделям, используемым в автоматизированных информационных системах, и способы их обеспечения.
35. Математический аппарат, используемый в теоретических и эмпирических моделях. Примеры теоретической и эмпирической модели для объектов профессиональной деятельности

Тестовые задания к дисциплине

Вопрос 1. Какие задачи успешно решаются с помощью искусственного интеллекта?
А) распознавания образов
Б) фолдинга белков
В) экстраполяции экспериментальных данных
Г) выравнивания геномных последовательностей.

Вопрос 2. Jupiter Notebook это …?
А) интегрированная среда разработки, позволяющая работать с различными языками программирования
Б) редактор Python
В) язык программирования
Г) нейронная сеть.

Вопрос 3. При помощи секвенирования определяют …
А) первичную структуру белков
Б) аминокислотная последовательность белков
В) выравнивание геномных последовательностей
Г) токсические свойства конкретных веществ.

Вопрос 4. Программный пакет ORCA позволяет проводить
А) квантово-химические расчёты
Б) моделирование спектров сложных молекул
В) выравнивания геномных последовательностей
Г) вычислять токсические свойства конкретных веществ.

Вопрос 5. В настоящее время системы искусственного интеллекта в основном базируются на
А) многослойных нейронных сетях
Б) полносвязных нейронных сетях
В) многослойных нейронных сетях с обратной связью
Г) генетических алгоритмах
Вопрос 6. Генетические алгоритмы …
А) легко распараллеливаются
Б) плохо решают унимодальные задачи
В) требуют монотонности целевой функции
Г) хорошо решают задачи экстраполяции экспериментальных данных.

Вопрос 7. Многослойные нейронные сети …
А) легко распараллеливаются
Б) справляются только с линейно разрешимыми задачами
В) могут использоваться как часть генеративно-состязательной сети
Г) хорошо решают задачи интерполяции экспериментальных данных.

Вопрос 8. Динамическое программирование в бионформатике используется для …
А) решения задачи выравнивания последовательностей
Б) моделирования спектров сложных молекул
В) экстраполяции экспериментальных данных
Г) интерполяции экспериментальных данных.

Вопрос 9. Расстояние Хэмминга в бионформатике используется в …

А) решения задачи выравнивания последовательностей
Б) моделирования спектров сложных молекул
В) экстраполяции экспериментальных данных
Г) интерполяции экспериментальных данных.

Вопрос 10. GenBank – это
А) база данных последовательностей ДНК и РНК
Б) описание всех известных генов
В) хранилище образцов генетических материалов
Г) один из алгоритмов решения задачи выравнивания последовательностей.

Вопрос 11. Reactome – это
А) программа для моделирования ферментативных реакций
Б) база данных путей биохимических реакций в конкретных организмах
В) хранилище образцов генетических материалов
Д) программа для проведения квантово-химических расчётов

Вопрос 12. BLAST в биоинформатике это …
А) программа для моделирования ферментативных реакций
Б) программы для сравнения аминокислотных последовательностей
В) последовательность нуклеотидов, вызывающая нарушение нормального хода репликации
Г) программа для проведения квантово-химических расчётов.

Вопрос 13. Web of Science – это
А) система для совместной работы над научным исследованием группы учёных
Б) библиографическая и реферативная платформа научных публикаций
В) электронная библиотека
Г) социальная сеть для исследователей.

Вопрос 14. ResearchGate– это
А) система идентификации учёных
Б) библиографическая и реферативная платформа научных публикаций
В) электронная библиотека
Г) социальная сеть для исследователей.

Вопрос 15. Реестр CAS содержит информацию о
А) последовательностей ДНК и РНК
Б) вычислительных алгоритмов поиска возможных биохимических реакций
В) всевозможных свойствах и способах синтеза химических соединений
Д) исследователях в области биоинженерии.

Вопрос 16. Roboflow– это
А) сервис для создания датасетов и обучения моделей в области машинного зрения
Б) программа расчёта возможных биохимических реакций
В) всевозможных свойствах и способах синтеза химических соединений
Г) сервис моделирования спектров сложных молекул.

Вопрос 17. Google Colab это
А) социальная сеть для исследователей
Б) онлайн сервис для создания и отладки программ на языке Python в среде Jupiter Notebook

В) интерфейс доступа к пополняемой библиотеке нейронных сетей
Г) библиографическая и реферативная платформа научных публикаций.

Вопрос 18. Формат нуклеотидных последовательностей, в котором нуклеотиды обозначаются при помощи однобуквенных кодов называется
А) FASTA
Б) CAS
В) ORCA
Г) ATCG

Вопрос 19. Поисковая система, которая обеспечивает доступ ко многим базам данных молекулярной биологии называется
А) Entrez
Б) FASTA
В) CAS
Г) Scopus.

Вопрос 20. Pubmed это…
А) поисковая система по биомедицинским исследованиям
Б) система общения медиков
В) портал для загрузки отчётов о клинических испытаниях
Г) организация, разрабатывающая стандарты публикации геномных и медицинких исследований.

Вопрос 21. Задача поиска оптимального пути в сетевом графике относится к задачам
А) динамического программирования
Б) линейного программирования
В) выпуклого программирования
Г) стационарного программирования.
Вопрос 22. Метод ветвей и границ …
А) используется для решения задачи коммивояжёра
Б) хорошо работает для комбинаторных задач
В) отличается от метода полного перебора, шагом с отсевом подмножеств недопустимых решений
Г) является жадным алгоритмом.

Вопрос 23. Жадные алгоритмы
А) быстро находят допустимое, но не обязательно оптимальное решение
Б) быстро находят решение, но не обязательно допустимое
В) могут не найти вообще никакого решения
Г) гарантированно находят решение по крайней мере не хуже, чем при полном переборе.

Вопрос 24. Регрессионный анализ позволяет построить
А) зависимость выходной величины от входной
Б) зависимость выходной величины от математического ожидания входной
В) зависимость математического ожидания выходной величины от математического ожидания входной
Г) зависимость математического ожидания выходной величины от значения входной величины.

Вопрос 25. mmCIF это
А) формат представления структур крупных молекул

Б) метод идентификации структур крупных молекул
В) формат представления превращений белков в живой клетке
Г) метод оценки качества анализа пробы генетического материала.

Вопрос 26. PDB это
А) формат представления трёхмерных структур белков
Б) метод идентификации структур крупных молекул
В) формат представления превращений белков в живой клетке
Г) метод оценки качества анализа пробы генетического материала.

Вопрос 27. Генетические алгоритмы содержат шаги
А) наследование
Б) мутации
В) отбор
Г) кроссинговер.

Вопрос 28. Метод моделирования, позволяющий предсказать наиболее выгодную для образования устойчивого комплекса ориентацию и конформацию одной молекулы в сайте связывания другой называется
А) молекулярный докинг
Б) молекулярный фолдинг
В) mmCIF
Г) BLAST.

Вопрос 29. Молекулярная механика использует для моделирования молекулярных систем
А) классическую механику
Б) квантовую механику
В) классическую механику с учётом распределения магнитных моментов в молекулах
Г) идеализированные модели атомов, без учёта электронных слоёв.

Вопрос 30. Потеря участка хромосомы из-за разрыва хромосомы или неравного кроссинговера называется
А) делеция
Б) ORCA
В) фолдинг
Г) нуклеотидная интерполяция.

Ключ к тестовым заданиям

N вопроса	Вариант ответа	N вопроса	Вариант ответа	N вопроса	Вариант ответа
1	А, Б	11	Б	21	А
2	А	12	Б	22	А, Б,В,
3	А	13	Б	23	А
4	А, Б	14	Г	24	В
5	А	15	В	25	А
6	А	16	А	26	А
7	А	17	Б	27	А, Б, В, Г
8	А	18	А	28	А
9	А	19	А	29	А, Г
10	А	20	А	30	А