

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ
ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«СЕВЕРО-КАВКАЗСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ»



«УТВЕРЖДАЮ»

Проректор по учебной работе

Г.Ю. Нагорная

03 2020 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Биоинформатика

Уровень образовательной программы _____ специалитет _____

Специальность _____ 30.05.03 Медицинская кибернетика _____

Форма обучения _____ очная _____

Срок освоения ОП _____ 6 лет _____

Институт _____ Медицинский _____

Кафедра разработчик РПД _____ Медицинская кибернетика _____

Выпускающая кафедра _____ Медицинская кибернетика _____

Начальник
учебно-методического управления

Семенова Л.У.

Директор института

Узденов М.Б.

Заведующий выпускающей кафедрой

Боташева Ф.Ю.

Черкесск, 2020г.

СОДЕРЖАНИЕ

1. ЦЕЛИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	3
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	3
3. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ	4
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	6
4.1. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ	6
4.2. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	7
4.2.1. Разделы (темы) дисциплины, виды учебной деятельности и формы контроля	7
4.2.2. Лекционный курс	8
4.2.3. Лабораторный практикум.....	12
4.2.4. Практические занятия	17
4.3. САМОСТОЯТЕЛЬНАЯ РАБОТА ОБУЧАЮЩЕГОСЯ	22
6. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	25
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	26
7.1. Перечень основной и дополнительной учебной литературы	26
7.2. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»	Ошибка! Закладка не определена.
7.3 Информационные технологии	Ошибка! Закладка не определена.
8. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	27
8.1. Требования к аудиториям (помещениям, местам) для проведения занятий.....	27
9. ОСОБЕННОСТИ РЕАЛИЗАЦИИ ДИСЦИПЛИНЫ ДЛЯ ИНВАЛИДОВ И ЛИЦ С ОГРАНИЧЕННЫМИ ВОЗМОЖНОСТЯМИ ЗДОРОВЬЯ.....	29

Приложение 1. Фонд оценочных средств

Приложение 2. Аннотация рабочей программы

1. ЦЕЛИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Целью освоения дисциплины «Биоинформатика» состоит в формировании у обучающихся умений применять методы математики и информатики для решения биологических задач.

При этом **задачами** дисциплины являются:

- получение обучающимися знаний о предмете, целях, задачах и методах биоинформатики;
- получение обучающимися знаний об аминокислотах, их строении, свойствах, нуклеиновых кислотах и нуклеотидах, ДНК и РНК;
- получение представления о функциональной и структурной аннотации биополимеров;
- получение представления о геномике и протеомике;
- изучение компьютерных технологий анализа данных молекулярно-генетических исследований;
- изучение компьютерных систем интеллектуальной поддержки диагностических решений;
- получение обучающимися знаний о математическом обеспечении биологических экспериментов;
- получение обучающимися знаний о вычислительных алгоритмах для анализа и систематизации данных о структуре и функциях биологических молекул.

2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

2.1. Дисциплина «Биоинформатика» относится к вариативной части Блока 1 Дисциплины (модули), имеет тесную связь с другими дисциплинами.

2.2. В таблице приведены предшествующие и последующие дисциплины, направленные на формирование компетенций дисциплины в соответствии с матрицей компетенций ОП.

Предшествующие и последующие дисциплины, направленные на формирование компетенций

№ п/п	Предшествующие дисциплины	Последующие дисциплины
1	Медицинская электроника	Производственная практика (научно-исследовательская работа)
2	Компьютерные технологии обработки медико-биологических данных	Защита выпускной квалификационной работы, включая подготовку к процедуре защиты и процедуру защиты

3. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ

Планируемые результаты освоения образовательной программы (ОП) – компетенции обучающихся определяются требованиями стандарта по направлению подготовки (специальности) и формируются в соответствии с матрицей компетенций ОП

№ п/п	Номер / индекс компетенции	Наименование компетенции (или ее части)	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:
1	2	3	4
1.	ОПК-1	готовность решать стандартные задачи профессиональной деятельности с использованием информационных, библиографических ресурсов, медико-биологической терминологии, информационно-коммуникационных технологий и учетом основных требований информационной безопасности	<p>Знать: основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот.; Шифр 3 (ОПК-1) -6</p> <p>Уметь: ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированными серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения. Шифр: У (ОПК-1) -6</p> <p>Владеть: основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам. Шифр: В (ОПК-1) -6</p>
2.	ПК-11	способностью и готовностью к применению социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации о показателях здоровья населения	<p>Знать: социально-гигиенические методики сбора и медико-статистического анализа информации. Шифр: 3 (ПК- 11) - 1</p> <p>Уметь: анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения. Шифр: У (ПК- 11) - 1</p> <p>Владеть: методами социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации о показателях здоровья населения Шифр: В (ПК- 11) - 1</p>

3.	ПК-17	<p>способность организации проведению научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности</p>	<p>к и</p> <p>Знать: основные методы организации и проведения научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности задач. Шифр З (ПК-17) -3</p> <p>Уметь: применять полученные данные на практике Шифр: У (ПК-17) -3</p> <p>Владеть: принципами планирования реферативного и научного исследования; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации. Шифр: В (ПК-17) -3</p>
----	-------	---	--

4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

4.1. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ

Вид учебной работы	Всего часов	Семестры	
		№ 11	
		часов	
1	2	3	
Аудиторная контактная работа (всего)	100	100	
В том числе:	-	-	
Лекции (Л)	20	20	
Практические занятия (ПЗ), Семинары (С)	40	40	
Лабораторные работы (ЛР)	40	40	
Внеаудиторная контактная работа	1,5	1,5	
В том числе: индивидуальные и групповые консультации	1,5	1,5	
Самостоятельная работа обучающегося (СРО)** (всего)	42	42	
<i>Ситуационные задачи</i>	6	6	
<i>Текущий тестовый контроль</i>	6	6	
<i>Подготовка к занятиям (ЛЗ)</i>	8	8	
<i>Подготовка к текущему контролю (ПТК)</i>	8	8	
<i>Подготовка к промежуточному контролю (ППК)</i>	8	8	
<i>Самоподготовка</i>	6	6	
Промежуточная аттестация	Зачет с оценкой	ЗаО	ЗаО
	Прием зачета час.	0,5	0,5
ИТОГО: Общая трудоемкость			
часов	144	144	
зач. ед.	4	4	

4.2. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

4.2.1. Разделы (темы) дисциплины, виды учебной деятельности и формы контроля

№ п/п	№ семестра	Наименование раздела (темы) дисциплины	Виды учебной деятельности, включая самостоятельную работу обучающегося (в часах)					Формы текущей и промежуточной аттестации
			Л	ЛР	ПЗ	СРО	всего	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.	11	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	4	8	8	8	28	тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы
2.	11	Парное и множественное выравнивание.	2	4	4	4	14	
3.	11	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	4	8	8	10	30	
4.	11	Структурная биоинформатика	2	4	4	4	14	
5.	11	NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэРРейных данных	4	8	8	8	28	
6.	11	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	2	4	4	4	14	
7.	11	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	2	4	4	4	14	
8.	11	Внеаудиторная контактная работа					1,5	индивидуальные и групповые консультации
9.	11	Промежуточная аттестация					0,5	Зачет с оценкой
10.		ИТОГО:	20	40	40	42	144	

4.2.2. Лекционный курс

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы лекции	Содержание лекции	Всего часов
1	2	3	4	5
Семестр 11				
1.	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Введение в биоинформатику.	История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы (state of the art). Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач.	2
		Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Введение в базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные microarray экспериментов) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Формирование концепции и использование баз знаний в биоинформатике и системной биологии. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene,	2

			Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по низкомолекулярным соединениям и лекарствам (PubChem, ChEMBL, DrugBank, ClinicalTrials.gov)	
2.	Парное и множественное выравнивание.	Парное и множественное выравнивание.	Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий. Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Fasta. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.	2
3.	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы	4

			<p>биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA - программа для филогенетического анализа последовательностей.</p>	
4.	Структурная биоинформатика	Структурная биоинформатика	<p>Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3мерных структур белков (NCBI VAST).</p>	2

			<p>Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот.</p> <p>Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.</p>	
5.	<p>NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэрейных данных</p>	<p>NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.</p>	<p>Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования.</p> <p>Инструменты для сборки и работы с геномом (CLC Workbench). Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов. БД EBI: Array Express и Expression Atlas. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо-экспрессируемых генов.</p>	2
		<p>Экспрессия генов: анализ микроэрейных данных</p>	<p>Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей). Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэрейных данных. Статистический анализ RNASeq данных. Построение тепловой карты изменения генной</p>	2

			экспрессии.	
6.	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	Методы анализа белок-белковых взаимодействий. Базы данных по белок-белковым взаимодействиям (Biogrid, IntAct, CORUM, HIPPIE, HAPPY, ConsensusPathDB).	2
7.	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Базы данных регуляторных и метаболических путей (KEGG, ENMN, Reactom, NCI pathways, Biocarta, NetPath, Wikipathways). Методы статического и динамического анализа биологических сетей. Навыки работы с программой визуализации и анализа биологических сетей - Cytoscape.	2
ИТОГО часов в семестре:				20

4.2.3. Лабораторный практикум

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Наименование лабораторной работы	Содержание лабораторной работы	Всего часов
1	2	3	4	5
Семестр 11				
8.	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Введение в биоинформатику.	История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы (state of the art). Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов	4

			биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач.	
		Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	<p>Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Введение в базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные microarray экспериментов) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Формирование концепции и использование баз знаний в биоинформатике и системной биологии. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по низкомолекулярным соединениям и лекарствам (PubChem, ChEMBL, DrugBank, ClinicalTrials.gov)</p>	4
9.	Парное и множественное выравнивание.	Парное и множественное выравнивание.	<p>Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий. Принципы выравнивания</p>	4

			<p>последовательностей. Понятие гомологии. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Fasta. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.</p>	
10.	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция</p>	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция</p>	<p>Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации,</p>	8

			<p>перемещения мобильных генетических элементов (горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA - программа для филогенетического анализа последовательностей.</p>	
11.	Структурная биоинформатика	Структурная биоинформатика	<p>Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры</p>	4

			белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.	
12.	NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэррейных данных	NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.	Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом (CLC Workbench). Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов. БД EBI: Array Express и Expression Atlas. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо- экспрессируемых генов.	4
		Экспрессия генов: анализ микроэррейных данных	Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей). Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэррейных данных. Статистический анализ RNASeq данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.	4

13.	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок- белковые взаимодействия.	Методы анализа белок-белковых взаимодействий. Базы данных по белок-белковым взаимодействиям (BioGRID, IntAct, CORUM, HIPPIE, HAPPY, ConsensusPathDB).	4
14.	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Базы данных регуляторных и метаболических путей (KEGG, ENMN, Reactom, NCI pathways, Biocarta, NetPath, Wikipathways). Методы статического и динамического анализа биологических сетей. Навыки работы с программой визуализации и анализа биологических сетей - Cytoscape.	4
ИТОГО часов в семестре:				40

4.2.4. Практические занятия

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Наименование практического занятия	Содержание практического занятия	Всего часов
1	2	3	4	5
Семестр 11				
1.	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Введение в биоинформатику.	История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы (state of the art). Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и	4

			прикладных задач.	
		Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	<p>Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Введение в базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные microarray экспериментов) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Формирование концепции и использование баз знаний в биоинформатике и системной биологии. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по низкомолекулярным соединениям и лекарствам (PubChem, ChEMBL, DrugBank, ClinicalTrials.gov)</p>	4
2.	Парное и множественное выравнивание.	Парное и множественное выравнивание.	<p>Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий. Принципы выравнивания</p>	4

			<p>последовательностей. Понятие гомологии. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Fasta. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.</p>	
3.	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция</p>	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция</p>	<p>Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации,</p>	8

			<p>перемещения мобильных генетических элементов (горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA - программа для филогенетического анализа последовательностей.</p>	
4.	Структурная биоинформатика	Структурная биоинформатика	<p>Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры</p>	4

			белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.	
5.	NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэррейных данных	NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.	Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом (CLC Workbench). Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов. БД EBI: Array Express и Expression Atlas. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо- экспрессируемых генов.	4
		Экспрессия генов: анализ микроэррейных данных	Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей). Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэррейных данных. Статистический анализ RNASeq данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.	4

6.	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	Методы анализа белок-белковых взаимодействий. Базы данных по белок-белковым взаимодействиям (BioGRID, IntAct, CORUM, HIPPIE, HAPPY, ConsensusPathDB).	4
7.	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Базы данных регуляторных и метаболических путей (KEGG, ENMN, Reactom, NCI pathways, Biocarta, NetPath, Wikipathways). Методы статического и динамического анализа биологических сетей. Навыки работы с программой визуализации и анализа биологических сетей - Cytoscape.	4
8.	ИТОГО часов в семестре:			40

4.3. САМОСТОЯТЕЛЬНАЯ РАБОТА ОБУЧАЮЩЕГОСЯ

№ п/п	№ семестра	Наименование раздела учебной дисциплины	Виды СРО	Всего часов
1.	11	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	8
2.	11	Парное и множественное выравнивание.	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	4
3.	11	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	10
4.	11	Структурная биоинформатика	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	4
5.	11	NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэРРЭЙных данных	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	8

6.	11	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	4
7.	11	Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	4
8.	11	Итого		42

5. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

5.1. Методические указания для подготовки обучающихся к лекционным занятиям

Лекция является основной формой обучения в высшем учебном заведении. Записи лекций в конспектах должны быть избирательными, полностью следует записывать только определения. В конспекте рекомендуется применять сокращение слов, что ускоряет запись. Вопросы, возникающие в ходе лекции, рекомендуется записывать на полях и после окончания лекции обратиться за разъяснением к преподавателю. Необходимо активно работать с конспектом лекции: после окончания лекции рекомендуется перечитать свои записи, внести поправки и дополнения на полях.

Работа над конспектом лекции осуществляется по этапам:

- повторить изученный материал по конспекту;
- непонятные положения отметить на полях и уточнить;
- неоконченные фразы, пропущенные слова и другие недочеты в записях устранить, пользуясь материалами из учебника и других источников;
- завершить техническое оформление конспекта (подчеркивания, выделение главного, выделение разделов, подразделов и т.п.).

5.2. Методические указания для подготовки обучающихся к лабораторным занятиям

Ведущей дидактической целью лабораторных занятий является систематизация и обобщение знаний по изучаемой теме, приобретение практических навыков по тому или другому разделу курса, закрепление полученных теоретических знаний. Лабораторные работы сопровождают и поддерживают лекционный курс.

Количество лабораторных работ строго соответствует содержанию курса. Каждая лабораторная предусматривает получение практических навыков по лекционным темам дисциплины «Биоинформатика».

В начале каждого лабораторного занятия кратко приводится теоретический материал, необходимый для выполнения текущей лабораторной работы.

Каждая лабораторная работа содержит список индивидуальных заданий.

Полученные результаты выполнения лабораторной работы оформляется и защищается устно обучающимся.

При проведении промежуточной и итоговой аттестации обучающихся важно всегда помнить, что систематичность, объективность, аргументированность – главные принципы, на которых основаны контроль и оценка знаний обучающихся.

5.3. Методические указания для подготовки обучающихся к практическим занятиям

При подготовке к практическим занятиям следует использовать основную литературу из представленного списка рабочей программе, а также руководствоваться приведенными указаниями.

Обучающемуся рекомендуется следующая схема подготовки к практическому занятию:

- проработать конспект лекций;
- проанализировать основную и дополнительную литературу, рекомендованную по изучаемому разделу;
- при затруднениях сформулировать вопросы к преподавателю.

5.4. Методические указания по самостоятельной работе обучающихся

Самостоятельная работа обучающихся в рамках изучения дисциплины «Биоинформатика» регламентируется общим графиком учебной работы, предусматривающим посещение семинарских занятий, выполнение заданий. При организации самостоятельной работы по дисциплине «Биоинформатика» обучающимся следует:

1. Внимательно изучить материалы, характеризующие курс и тематику самостоятельного изучения, что изложено в учебно-методическом комплексе по дисциплине. Это позволит четко представить, как круг изучаемых тем, так и глубину их постижения.

2. Составить подборку литературы, достаточную для изучения предлагаемых тем. В программе дисциплины представлены основной и дополнительный списки литературы. Они носят рекомендательный характер, это означает, что всегда есть литература, которая может не входить в данный список, но является необходимой для освоения темы. При этом следует иметь в виду, что нужна литература различных видов: учебники, учебные и учебно-методические пособия; первоисточники, монографии, сборники научных статей, публикации в журналах, любой эмпирический материал; справочная литература – энциклопедии, словари, тематические, терминологические справочники, раскрывающие категориально- понятийный аппарат.

3. Основное содержание той или иной проблемы следует уяснить, изучая учебную литературу.

4. Абсолютное большинство проблем носит не только теоретический, умозрительный характер, но самым непосредственным образом выходят на жизнь, они тесно связаны с практикой социального развития, преодоления противоречий и сложностей в обществе. Это предполагает наличие у студентов не только знания категорий и понятий, но и умения использовать их в качестве инструмента для анализа социальных проблем. Иными словами, обучающийся должен совершать собственные, интеллектуальные усилия, а не только механически заучивать понятия и положения.

5. Соотнесение изученных закономерностей с жизнью, умение достигать аналитического знания предполагает у обучающихся мировоззренческой культуры. Формулирование выводов осуществляется, прежде всего, в процессе творческой дискуссии, протекающей с соблюдением методологических требований к научному познанию.

Основными видами самостоятельной работы по курсу «Биоинформатика» являются:

- изучение теоретических вопросов при подготовке к семинарам, подготовке к тестовому контролю, к внеаудиторной контактной работе;
- осмысление информации, сообщаемой преподавателем, ее обобщение и краткая запись;
- своевременная доработка конспектов лекций;
- подбор, изучение, анализ и конспектирование рекомендуемой литературы;
- подготовка к зачету с оценкой.

6. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

№ п/п	№ семестра	Виды учебной работы	Образовательные технологии
1	2	3	4
1.	11	Лекция «Введение в биоинформатику.»	лекция-презентация
2.	11	Лекция «Основные биоинформатические ресурсы и базы данных»	лекция-дискуссия
3.	11	Лекция «Структурная биоинформатика»	лекция-презентация
4.	11	Практическая работа «Регуляторные и метаболические пути.».	подготовка и защита презентации
5.	11	Практическая работа «Построение и анализ биологических сетей».	подготовка и защита практической работы
6.	11	Практическая работа «Сборка геномов».	подготовка и защита практической работы

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

7.1. Перечень основной и дополнительной учебной литературы

Список основной литературы	
1.	Володченкова, Л. А. Биоинформатика : учебное пособие / Л. А. Володченкова. — Омск : Издательство Омского государственного университета, 2018. — 44 с. — ISBN 978-5-7779-2214-4.- Текст : электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART : [сайт]. - URL: https://www.iprbookshop.ru/108109.html - Режим доступа: для авторизир. пользователей Текст: электронный
2.	Кулеева, Е. В. Информатика. Базовый курс : учебное пособие / Е. В. Кулеева. — Санкт-Петербург : Санкт-Петербургский государственный университет промышленных технологий и дизайна, 2019. — 174 с. — ISBN 978-5-7937-1769-4. — Текст : электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART : [сайт]. — URL: https://www.iprbookshop.ru/102423.html — Режим доступа: для авторизир. пользователей. - DOI: https://doi.org/10.23682/102423 - Текст: электронный
3.	Саблина, Г. В. Информатика : учебное пособие / Г. В. Саблина, Д. С. Худяков. — Новосибирск : Новосибирский государственный технический университет, 2022. — 86 с. — ISBN 978-5-7782-4614-0. — Текст : электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART : [сайт]. — URL: https://www.iprbookshop.ru/126651.html — Режим доступа: для авторизир. пользователей- Текст: электронный
Список дополнительной литературы	
1.	Мандра, А. Г. Информатика и информационные технологии : лабораторный практикум / А. Г. Мандра, А. В. Попов, А. И. Дьяконов. — 2-е изд. — Самара : Самарский государственный технический университет, ЭБС АСВ, 2020. — 64 с. — Текст : электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART : [сайт]. — URL: https://www.iprbookshop.ru/111369.html — Режим доступа: для авторизир. пользователей- Текст: электронный
2.	Информатика. Алгоритмы и программы на языке VBA : учебно-методическое пособие / О. А. Хантимирова, Н. Ю. Росторгуева, И. В. Родыгина, Я. Д. Лейзерович. — Москва : Ай Пи Ар Медиа, 2020. — 103 с. — ISBN 978-5-4497-0749-9. — Текст : электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART : [сайт]. — URL: https://www.iprbookshop.ru/99092.html — Режим доступа: для авторизир. пользователей

7.2. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»
<http://window.edu.ru> - Единое окно доступа к образовательным ресурсам;
<http://fcior.edu.ru> - Федеральный центр информационно-образовательных ресурсов;
<http://elibrary.ru> - Научная электронная библиотека.

7.3. Информационные технологии, лицензионное программное обеспечение

Лицензионное программное обеспечение	Реквизиты лицензий/ договоров
Microsoft Azure Dev Tools for Teaching 1. Windows 7, 8, 8.1, 10 2. Visual Studio 2008, 2010, 2013, 2019	Идентификатор подписчика: 1203743421 Срок действия: 30.06.2023

5. Visio 2007, 2010, 2013 6. Project 2008, 2010, 2013 7. Access 2007, 2010, 2013 и т. д.	(продление подписки)
MS Office 2003, 2007, 2010, 2013	Сведения об Open Office: 63143487, 63321452, 64026734, 6416302, 64344172, 64394739, 64468661, 64489816, 64537893, 64563149, 64990070, 65615073 Лицензия бессрочная
Антивирус Dr.Web Desktop Security Suite	Лицензионный сертификат Серийный № 8DVG-V96F-H8S7-NRBC Срок действия: с 20.10.2022 до 22.10.2023
Консультант Плюс	Договор № 272-186/С-23-01 от 20.12.2022 г.
ArchiCAD 17 RUS	Бесплатное ПО для учебных целей Гос.контракт № 0379100003114000006_54609 от 25.02.2014 Лицензионный сертификат для коммерческих целей
Autodesk AutoCAD 2014	Бесплатное ПО для учебных целей Гос.контракт № 0379100003114000006_54609 от 25.02.14 для коммерческих целей
MATLAB (ПП для проведения инженерных расчетов и визуального блочного моделирования в области электроэнергетики)	Гос. контракт № 0379100003114000018 от 16 мая 2014 г. (Бесплатное использование старой версии)
ЭБС IPRbooks	Лицензионный договор № 9368/22П от 11.06.2022 г. Срок действия: с 01.07.2022 до 01.07.2023
Бесплатное ПО	
Python, VBA, Virtual box, Sumatra PDF, 7-Zip	

8. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

8.1. Требования к аудиториям (помещениям, местам) для проведения занятий

1. Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа.

Специализированная мебель:

Кафедра, доска меловая, парты, стулья, шкаф медицинский;

Набор демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий, обеспечивающих тематические иллюстрации:

Проектор

Экран

Ноутбук

2. Лаборатория информатики

Специализированная мебель:

Доска ученическая, шкаф книжный, компьютерные столы, шкаф для одежды, стулья, стол

Технические средства обучения, служащие для предоставления учебной информации большой аудитории:

Принтер Canon LBP – 800

Монитор 17 TFT Philips 170S
Персональный компьютер Klatwau Gredo (KC 57)C2DE8400
Монитор Acer TFT1716F
Монитор Klatwau ТУТ 19 М 92
Монитор Proview 17 TFT SP71GKR 8ms
Системный блок ЭКС 510/GEL2,66
Системный блок RU intro Comp 121 cyo347
Системный блок iRU Ergo-Corp 121WE2160

3. Помещение для самостоятельной работы.

Отдел обслуживания печатными изданиями

Комплект проекционный, мультимедийный оборудование: экран настенный Screen Media 244/244 корпус 1106, проектор BenG MX660P 1024/7683200 LM, ноутбук Lenovo G500 15.6''

Специализированная мебель : рабочие столы, стулья

Электронный читальный зал

Комплек проекционный, мультимедийный интерактивный IQ Board DVT: интерактивная доска 84'' IQ Board DVT T084, проектор TRIUMPH PJ1000, универсальное настенное крепление Wize WTH140

Персональные компьютеры-моноблоки MSI AE202072, персональный компьютер Samsung, МФУ Sharp AR-6020 , Brother DCR-1510R

Специализированная мебель : столы на 1 рабочее место, столы на 2 рабочих места, стулья

Читальный зал

Специализированная мебель : столы на 2 рабочих места, стулья

9. ОСОБЕННОСТИ РЕАЛИЗАЦИИ ДИСЦИПЛИНЫ ДЛЯ ИНВАЛИДОВ И ЛИЦ С ОГРАНИЧЕННЫМИ ВОЗМОЖНОСТЯМИ ЗДОРОВЬЯ

Для обеспечения образования инвалидов и обучающихся с ограниченными возможностями здоровья разрабатывается (в случае необходимости) адаптированная образовательная программа, индивидуальный учебный план с учетом особенностей их психофизического развития и состояния здоровья, в частности применяется индивидуальный подход к освоению дисциплины, индивидуальные задания: рефераты, письменные работы и, наоборот, только устные ответы и диалоги, индивидуальные консультации, использование диктофона и других записывающих средств для воспроизведения лекционного и семинарского материала.

В целях обеспечения обучающихся инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья комплектуется фонд основной учебной литературой, адаптированной к ограничению электронных образовательных ресурсов, доступ к которым организован в БИЦ Академии. В библиотеке проводятся индивидуальные консультации для данной категории пользователей, оказывается помощь в регистрации и использовании сетевых и локальных электронных образовательных ресурсов, предоставляются места в читальном зале.

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

ПО ДИСЦИПЛИНЕ Биоинформатика

1. ПАСПОРТ ФОНДА ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Биоинформатика

1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины

Индекс	Формулировка компетенции
ОПК-1	готовность решать стандартные задачи профессиональной деятельности с использованием информационных, библиографических ресурсов, медико-биологической терминологии, информационно-коммуникационных технологий и учетом основных требований информационной безопасности
ПК-11	способностью и готовностью к применению социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации о показателях здоровья населения
ПК-17	способность к организации и проведению научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности

2. Этапы формирования компетенции в процессе освоения дисциплины

Основными этапами формирования указанных компетенций при изучении обучающимися дисциплины являются последовательное изучение содержательно связанных между собой разделов (тем) учебных занятий. Изучение каждого раздела (темы) предполагает овладение обучающимися необходимыми компетенциями. Результат аттестации обучающихся на различных этапах формирования компетенций показывает уровень освоения компетенций обучающихся.

Этапность формирования компетенций прямо связана с местом дисциплины в образовательной программе.

Разделы (темы) дисциплины	Формируемые компетенции (коды)		
	ПК-11	ПК-17	ОПК-1
Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	+	+	+
Парное и множественное выравнивание.	+	+	+
Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	+	+	+
Структурная биоинформатика	+	+	+
NGS - секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэрежных данных	+	+	+
Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия.	+	+	+
Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	+	+	+

3. Показатели, критерии и средства оценивания компетенций, формируемых в процессе изучения дисциплины

ОПК-1 готовность решать стандартные задачи профессиональной деятельности с использованием информационных, библиографических ресурсов, медико-биологической терминологии, информационно-коммуникационных технологий и учетом основных требований информационной безопасности

Планируемые результаты обучения (показатели достижения заданного уровня освоения компетенций)	Критерии оценивания результатов обучения				Средства оценивания результатов обучения	
	неудовлетв	удовлетв	хорошо	отлично	Текущий контроль	Промежуточная аттестация
<p>Знать: основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот; Шифр 3 (ОПК-1) -6</p>	<p>Не знает основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот</p>	<p>Демонстрирует частичные знания основных терминов и понятий биоинформатики, современных концепции биоинформатики; объектов изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот</p>	<p>Демонстрирует хорошие знания основных терминов и понятий биоинформатики, современных концепции биоинформатики; объектов изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот</p>	<p>Раскрывает полное знание основных терминов и понятий биоинформатики, современных концепции биоинформатики; объектов изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот</p>	<p>текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы</p>	<p>зачет с оценкой зачет с оценкой</p>
<p>Уметь: ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированным и серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе</p>	<p>Не умеет ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированным и серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе</p>	<p>Не уверенно умеет ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированным и серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе</p>	<p>Хорошо умеет ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированным и серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе</p>	<p>Уверенно умеет ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированным и серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе</p>		

<p>биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения. Шифр: У (ОПК-1) -6</p>	<p>биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения</p>	<p>биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения</p>	<p>биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения</p>	<p>биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения</p>		
<p>Владеть: основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам. Шифр: В (ОПК-1) -6</p>	<p>Не владеет основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам.</p>	<p>Владеет некоторыми методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам.</p>	<p>Владеет основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам.</p>	<p>Демонстрирует отличное владение основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам.</p>		

ПК-11 способностью и готовностью к применению социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации о показателях здоровья населения						
Планируемые результаты обучения (показатели достижения заданного уровня освоения компетенций)	Критерии оценивания результатов обучения				Средства оценивания результатов обучения	
	неудовлетв	удовлетв	хорошо	отлично	Текущий контроль	Промежуточная аттестация
Знать: социально-гигиенические методики сбора и медико-статистического анализа информации. Шифр: З (ПК- 11) - 1	Не знает социально-гигиенические методики сбора и медико-статистического анализа информации	Демонстрирует частичные знания социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации	Демонстрирует хорошие социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации	Раскрывает полное знание социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	зачет с оценкой зачет с оценкой
Уметь: анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения. Шифр: У (ПК- 11) - 1	Не умеет и не готов анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения.	Не уверено умеет анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения.	Уверено может анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения.	Уверено и успешно умеет анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения.		
Владеть: методами социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического	Не владеет методами социально-гигиенических методик сбора и медико-	Частично владеет методами социально-гигиенических методик сбора и медико-	Владеет методами социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического	Демонстрирует полное владение методами социально-гигиенических методик сбора и		

анализа информации о показателях здоровья населения Шифр: В (ПК- 11) - 1	статистического анализа информации о показателях здоровья населения	статистического анализа информации о показателях здоровья населения	анализа информации о показателях здоровья населения	медико-статистического анализа информации о показателях здоровья населения		
---	---	---	---	--	--	--

ПК-17 способность к организации и проведению научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности						
Планируемые результаты обучения (показатели достижения заданного уровня освоения компетенций)	Критерии оценивания результатов обучения				Средства оценивания результатов обучения	
	неудовлетв	удовлетв	хорошо	отлично	Текущий контроль	Промежуточная аттестация
Знать: основные методы организации и проведения научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности задач. Шифр 3 (ПК-17) -3	Обучающийся не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в терминологии, допускает существенные ошибки.	Обучающийся имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала.	Обучающийся знает основные методы организации и проведения научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности задач.	Обучающийся твердо основные методы организации и проведения научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности задач.	текущий тестовый контроль, ситуационные задачи, контрольные вопросы	зачет с оценкой зачет с оценкой
Уметь: применять полученные данные на практике Шифр: У (ПК-17) -3	не умеет применять полученные данные на практике	Частично умеет применять полученные данные на практике	Хорошо умеет применять полученные данные на практике	Уверено и успешно умеет применять полученные данные на практике		
Владеть:	не владеет	частично владеет	владеет	демонстрирует		

<p>принципами планирования реферативного и научного исследования; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации. Шифр: В (ПК-17) -3</p>	<p>принципами планирования реферативного и научного исследования органической химии; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации.</p>	<p>принципами планирования реферативного и научного исследования органической химии; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации.</p>	<p>принципами планирования реферативного и научного исследования органической химии; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации.</p>	<p>полное владение принципами планирования реферативного и научного исследования органической химии; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации.</p>		
--	--	--	--	--	--	--

**Вопросы к зачету с оценкой
по дисциплине «Биоинформатика»**

Вопросы к зачету с оценкой

1. Публичные базы данных и инструментарий NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, DB.
2. Статистика в биологии, тесты и критерии, работа с выборками. Возникновение и учет статистических ошибок.
3. Пакеты биоинформационных программ и алгоритмов.
4. Использование unix-сред в биоинформатике. Стандартный пакет Биоинформатика (Blast, Mummer и т.д)
5. Сиквенирование геномов. Принципы сиквенирования .
6. Next generation sequencing.
7. Сборка геномов из данных о сиквенсах. Не разрешенные задачи в области сиквенирования.
8. Проект геном человека.
9. Аннотация геномов. Понятие о COG.
10. Признаки гена в последовательности ДНК.
11. Факторы транскрипции и сайты связывания.
12. Стандартные методы и алгоритмы предсказания белков.
13. Протеогеномный подход к проверке предсказаний.
14. Понятие доменов в структуре белков.
15. Транскриптомика. Варианты получения данных транскриптах.
16. Представление о некодирующих РНК, их классификация, гипотетическое участие в передаче информации.
17. Метаболомика. Метаболиты в клетке.
18. Оценка достоверности данных о метаболитах.
19. Использование баз по метаболитам и метаболические реконструкции. Сравнительная метаболомика.
20. Сравнительная геномика и протеомика. Филогенетические деревья.
21. Протеогеномика.
22. Вторичные структуры ДНК и РНК и их участие в регуляции клеточных процессов.
23. Вторичные, третичные и четвертичные структуры белков.
24. Интеллектуальные системы анализа данных.
25. Семантические сети. Data mining.
26. Роль биоинформатики в современной молекулярной генетике и биотехнологии.
27. Биологические системы с точки зрения биоинформатики. Кодирование наследственной информации.
28. Базы данных по молекулярной биологии и генетике.
29. Информационный анализ последовательностей нуклеиновых кислот и белков.
30. Молекулярная биология ДНК — основа биотехнологии.
31. ДНК как основа генетической информации.
32. Конформации ДНК (A, B и Z-формы).
33. Нуклеотидный состав ДНК и конформации ДНК.
34. Большая и малые бороздки ДНК. Узнавание ДНК белками в малой и большой бороздке.
35. Подвижность структуры ДНК. Свехспирализация.
36. Неканонические структуры ДНК. Изгибы в ДНК (упаковка ДНК и регуляция транскрипции).
37. Полуконсервативная репликация ДНК. ДНК - полимеразы. Вилка репликации ДНК.
38. Регуляция репликации ДНК у бактерий.
39. Понятие о репликоне и репликаторе. Репликация у эукариот.
40. Полирепликонное строение хромосомы.
41. Теломераза и репликация ДНК у эукариот.
42. Пути передачи информации в эукариотических клетках.

43. G-белки. Вторичные мессенджеры.
44. Регуляция экспрессии генов.
45. Иерархия регуляции. Факторы транскрипции.
46. Протоонкогены (мембранные, ядерные и цитоплазматические). Роль протоонкогенов в развитии.
47. Регуляторные пептиды в качестве регуляторов функций эукариотических клеток.
48. Молекулярная диагностика.
49. Технологии, основанные на индикации нуклеиновых кислот: методы Амплификации нуклеиновых кислот, компоненты и условия проведения Полимеразой цепной реакции, методы анализа продуктов амплификации, микрочипы.
50. Конструирование библиотек генов. Вектора для клонирования генов.
51. Амплификация фрагментов ДНК с использованием цепной полимеразной реакции (PCR).
52. Направленный мутагенез последовательности ДНК.
53. Регуляция активности генов на уровне транскрипции. Функционирование лактозного оперона.
54. Регуляция транскрипции генов на уровне трансляции. Функционирование триптофанового оперона.
55. Сопряжение процессов транскрипции и трансляции у прокариот.
56. Структура генов эукариот. Их модификация для экспрессии в клетках прокариот.
57. Основные этапы конструирования генно-инженерных продуцентов.
58. Микроорганизмы, используемые для создания генно-инженерных продуцентов.
59. Посттрансляционные модификации белков. Причины неидентичности Природных белков и их генно-инженерных аналогов.
60. Структурная организация белков. Уровни структурной организации белков.
61. Структура пептидной связи. Вторичные структуры в белках.
62. Третичные структуры в белках. Домены в белках.
63. Механизмы фолдинга белковых молекул. Шаперон – зависимый и про-зависимый фолдинг.
64. Способы стабилизации белковых молекул.
65. Разработка молекулярно-генетических подходов к изучению сложных заболеваний (болезнь Паркинсона, ишемическая болезнь сердца, инсульт и др.).
66. Этногеномика. Полиморфные маркеры ДНК как инструмент изучения генофонда народонаселения во времени и пространстве.
67. Плазмиды агробактерий и перенос T-ДНК растений (неоплазия у растений, структуры Ti-плазмид).
68. Ri – плазмиды *A. rhizogenes* (характеристика опухолей, образование Дифференцированной ткани).
69. Векторы генетической инженерии растений: векторы на основе Ti-плазмид,
70. Векторы на основе хлоропластной и митохондриальной ДНК, транспозируемых элементов растений, вирусов растений, вирионной РНК.
71. Общие понятия о трансгенах и трансгенных организмах. Методы получения трансгенных животных.
72. Эмбриональные стволовые клетки.
73. Генный таргетинг: нокаут генов и генный нокин.
74. Трансгенез и клонирование животных.

Комплект заданий к лабораторным занятиям

по дисциплине *Биоинформатика*

Задан файл(ы) или часть файла с описанием структуры нуклеиновой кислоты в формате PDB.
Возможные задания:

- Определить тип кислоты (ДНК/РНК).
- Определить форму нуклеиновой кислоты (A-, B-, Z-).
- Определить один из параметров спирали (шаг, число нуклеотидов на виток, ширину большой бороздки и т.д.).
- Задан номер нуклеотида. Определить значения одного торсионного угла с помощью RasMol или всех углов с помощью 3DNA.
- Заданы номера 2-х последовательных нуклеотидов. Получить изображение динуклеотидного фрагмента в шарнирной модели (RasMol), нарисовать его структурную формулу с помощью ChemSketch.
- Найти первую(вторую, третью) по последовательности шпильку в структуре с помощью 3DNA (т.е. определить номера нуклеотидов в стебле и в петле).
- Найти с помощью 3DNA неканоническую пару оснований и получить ее изображение с помощью RasMol.
- Написать команду RasMol, определяющую какое-либо множество атомов ДНК (например, все атомы рибозы, или все атомы оснований, или все атомы аденина, обращенные в сторону большой бороздки и т.п.).
- Написать скрипт-файл для последовательного отображения в RasMol полной структуры нуклеиновой кислоты в разных моделях и/или с выделением predetermined множеств атомов.
- Определить наличие или отсутствие контакта между заданной группой атомов белка и заданной группой атомов ДНК/РНК. Например, между боковыми группами всех аминокислотных остатков и остовом ДНК, или между боковыми группами всех серинов и атомами всех аденинов и т.п.

Рекомендации

1. Самый лучший способ подготовки — это выполнить все упражнения.
2. Заранее продумайте стратегию выполнения каждого задания.
Заданий будет ровно десять, но каждое из них можно выполнить быстро и профессионально.
Внимательное изучение всех подсказок прямо на зачетном занятии (особенно, если вы их в первый раз читаете) приведет к тому, что вы не успеете выполнить и половину заданий.
3. Для успешного выполнения последнего задания полезно повторить однобуквенные обозначения аминокислотных остатков и физико-химические свойства боковых групп.
4. Если в процессе подготовки возникают проблемы, пишите письмо или подходите!

Комплект тестовых вопросов и заданий
по дисциплине Биоинформатика

1. Предмет биоинформатики — это:

- язык программирования;
- устройство робота;
- способы накопления, хранения, обработки, передачи информации;
- информированность общества.

2. Тройками из нулей и единиц можно закодировать ... различных символов.

- 6;
- 8;
- 5;
- 9.

3. Капитан спрашивает матроса: «Работает ли маяк?» Матрос отвечает: «То загорается, то погаснет!» Чем является маяк в этой ситуации?

- получаем информации;
- источником информации;
- каналом связи;
- помехой.

Ответ: 2

4. В каком веке появились первые устройства, способные выполнять арифметические действия?

- XVI в.;
- в XVII в.;
- XVIII в.;
- в XIX в.

5. Механическое устройство, позволяющее складывать числа, изобрел:

- П. Нортон;
- Б. Паскаль;
- Г. Лейбниц;
- Д. Нейман.

6. Для какой системы счисления были приспособлены первые семикосточковые счеты?

- для семеричной;
- для двоичной;
- для десятичной;
- для унарной.

7. Какое устройство в России получило название «железный Феликс»?

- конторские счеты;
- механический арифмометр;
- счислитель Куммера;
- счетные бруски

8. В какие годы XX столетия появилась первая электронно-счетная машина?

- в 20-е;
- в 40-е;
- в 50-е;
- в 60-е.

9. В каком поколении машин ввод данных можно осуществлять с помощью речи?

- во 2-м;
- в 3-м;
- 4-м;

- в 5-м.

10. Архитектура компьютера — это:

- Техническое описание деталей устройств компьютера;
- описание устройств для ввода-вывода информации;
- описание программного обеспечения для работы компьютера;
- описание устройства и принципов работы компьютера, достаточное для понимания пользователя.

11. Что такое микропроцессор?

- интегральная микросхема, которая выполняет поступающие на ее вход команды (например, вычисление) и управляет работой машины;
- устройство для хранения той информации, которая часто используется в работе;
- устройство для вывода текстовой или графической информации;
- устройство для ввода алфавитно-цифровых данных.

12. Подключение отдельных периферийных устройств компьютера к магистрали на физическом уровне возможно:

- с помощью драйвера;
- с помощью контроллера;
- без дополнительного устройства;
- с помощью утилиты.

13. Внешняя память необходима для:

- для хранения часто изменяющейся информации в процессе решения задачи;
- для долговременного хранения информации после выключения компьютера;
- для обработки текущей информации;
- для постоянного хранения информации о работе компьютера.

14. Для построения с помощью компьютера сложных чертежей в системах автоматизированного проектирования используют:

- плоттер;
- графический планшет (дигитайзер);
- сканер;
- джойстик.

15. К устройствам накопления информации относится:

- принтер;
- процессор;
- ПЗУ;
- ВЗУ.

Ответ: 4

16. Что из перечисленного не относится к программным средствам?

- системное программирование;
- драйвер;
- процессор;
- текстовые и графические редакторы.

17. Файлом называется:

- набор данных для решения задачи;
- поименованная область на диске или другом машинном носителе;
- программа на языке программирования для решения задачи;
- нет верного ответа.

18. В каком файле может храниться рисунок?

- TEST.EXE;
- ZADAN.TXT;
- COMMAND.COM;
- CREML.BMP.

19. Необходимым компонентом операционной системы является:

- оперативная память;
- командный процессор;
- центральный процессор;
- файл конфигурации системы.

20. Что такое система счисления?

- цифры 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9;
- правила арифметических действий;
- компьютерная программа для арифметических вычислений;
- это знаковая система, в которой числа записываются по определенным правилам, с помощью знаков некоторого алфавита, называемых цифрами.

21. Что называется основанием системы счисления?

- количество цифр, используемых для записи чисел;
- отношение значений единиц соседних разрядов;
- арифметическая основа ЭВМ;
- сумма всех цифр системы счисления.

22. Все системы счисления делятся на две группы:

- римские и арабские;
- двоичные и десятичные;
- позиционные и непозиционные;
- целые и дробные.

23. Алгоритм — это:

- некоторые истинные высказывания, которые должны быть направлены на достижение поставленной цели;
- отражение предметного мира с помощью знаков и сигналов, предназначенное для конкретного исполнителя;
- понятное и точное предписание исполнителю совершить последовательность действий, направленных на решение поставленной задачи или цели;
- инструкция по технике безопасности.

24. Свойство алгоритма — дискретность — обозначает:

- что команды должны следовать последовательно друг за другом;
- что каждая команда должна быть описана в расчете на конкретного исполнителя;
- разбиение алгоритма на конечное число простых шагов;
- строгое движение как вверх, так и вниз.

25. Какой тип алгоритма должен быть выбран при решении квадратного уравнения?

- Линейный;
- циклический;
- разветвляющийся;
- циклически-разветвляющийся.

26. Разветвляющийся алгоритм — это:

- присутствие в алгоритме хотя бы одного условия;
- набор команд, которые выполняются последовательно друг за другом;
- многократное исполнение одних и тех же действий;
- другое.

27. Какое из перечисленных значений может быть только целым?

- среднее значение трех чисел;
- первая космическая скорость;
- расстояние между городами;
- количество этажей в доме.

28. Что такое протокол сети?

- соглашение о способе обмена информацией;

- файл на сервере;
- устройство связи в сети;
- сетевая программа.

29. Что необходимо для публикации Web-сайта?

- URL-адрес;
- почтовый адрес пользователя;
- адрес электронной почты пользователя;
- имя пользователя и его пароль.

30. Если поле имеет тип даты, то какая запись соответствует данному полю?

- 10 ноября;
- десятое ноября;
- 10; 11;
- 10—11.

31. Отчет базы данных — это:

- объект, позволяющий свести в форму необходимые данные;
- объект, предназначенный для ввода данных;
- объект, предназначенный для печати данных;

ОПК-1	1,2,6,9,11,15,16,24,28
ПК-11	3,4,7,10,13,17,20,22,29,30
ПК-17	5,8,12,14,18,19,21,23,25,26,27,31

5. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания компетенции

5.1 Критерии оценки к зачету с оценкой:

«2» (неудовлетворительно)	«3» (удовлетворительно)	«4» (хорошо)	«5» (отлично)
Обучающийся не знает значительной части программного материала, плохо ориентируется в терминологии, допускает существенные ошибки.	Обучающийся имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала.	Обучающийся твердо знает материал, не допускает существенных неточностей в ответе на вопрос.	Обучающийся знает научную терминологию, методы и приемы, глубоко и прочно усвоил программный материал, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, не затрудняется с ответом при видоизменении заданий.

5.2 Критерии оценки к ситуационным задачам

Оценка	Баллы	Критерии
отлично	10	Выставляется обучающимся, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины, проявляющему интерес к данной предметной области, продемонстрировавшему умение уверенно и творчески применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.
	9	Выставляется обучающимся, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины и умение уверенно применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.
	8	Выставляется обучающимся, показавшему систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины и умение уверенно применять их на практике при решении конкретных задач, правильное обоснование принятых решений, с некоторыми недочетами.
хорошо	7	Выставляется обучающимся, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но недостаточно грамотно обосновывает полученные

		результаты.
	6	Выставляется обучающимся, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но допускает в ответе или в решении задач некоторые неточности.
	5	Выставляется обучающимся, если он в основном знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но допускает в ответе или в решении задач достаточно большое количество неточностей.
удовлетворитель но	4	Выставляется студенту, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, недостаточно правильные формулировки базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, но при этом он освоил основные разделы учебной программы, необходимые для дальнейшего обучения, и может применять полученные знания по образцу в стандартной ситуации.
	3	Выставляется обучающимся, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, допускающему ошибки в формулировках базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, слабо владеет основными разделами учебной программы, необходимыми для дальнейшего обучения и с трудом применяет полученные знания даже в стандартной ситуации.
неудовлетворите льно	2	Выставляется обучающимся, который не знает большей части основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубые ошибки в формулировках основных принципов и не умеет использовать полученные знания при решении типовых задач.
	1	Выставляется обучающимся, который не знает основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубейшие ошибки в формулировках базовых понятий дисциплины и вообще не имеет навыков решения типовых практических задач.

5.3 Критерии оценки к практическим занятиям:

Оценка	Критерии
5 (отлично)	Обучающийся выполнил задания верно, в полном объеме. Обучающийся способен изложить алгоритм своих действий.
4 (хорошо)	Имеются незначительные недочеты в выполнении заданий. Ответ в целом полный и правильный. Обучающийся способен изложить алгоритм своих действий.
3 (удовлетворительно)	Задания выполнены не в полном объеме. Ответ неполный.

	Обучающийся не способен четко изложить алгоритм действий.
2 (неудовлетворительно)	Задания не выполнены или выполнены неверно. Ответ неполный. Обучающийся не способен изложить методику выполнения задания.

5.4 Критерии оценивания тестирования

При тестировании все верные ответы берутся за 100%.

90%-100% отлично

75%-90% хорошо

60%-75% удовлетворительно

менее 60% неудовлетворительно

Аннотация дисциплины

Направление подготовки 30.05.03 Медицинская кибернетика

Дисциплина (Модуль)	Биоинформатика
Реализуемые компетенции	ОПК-1, ПК-11, ПК-17
Результаты освоения дисциплины (модуля)	<p>Знать: основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики: последовательности аминокислот и нуклеиновых кислот.;</p> <p>Шифр 3 (ОПК-1) -6</p> <p>Уметь: ориентироваться в глобальных и локальных сетях, работать со специализированными серверами и различными базами данных; находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения.</p> <p>Шифр: У (ОПК-1) -6</p> <p>Владеть: основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам.</p> <p>Шифр: В (ОПК-1) -6</p> <p>Знать: социально-гигиенические методики сбора и медико-статистического анализа информации.</p> <p>Шифр: 3 (ПК- 15) - 1</p> <p>Уметь: анализировать полученную информацию и уметь применять полученную информацию в оценке показателей здоровья населения.</p> <p>Шифр: У (ПК- 15) - 1</p> <p>Владеть: методами социально-гигиенических методик сбора и медико-статистического анализа информации о показателях здоровья населения</p> <p>Шифр: В (ПК- 15) - 1</p> <p>Знать: основные методы организации и проведения научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности задач.</p> <p>Шифр 3 (ПК-17) -3</p> <p>Уметь: применять полученные данные на практике</p>

	Шифр: У (ПК-17) -3 Владеть: принципами планирования реферативного и научного исследования; методиками научного исследования, включая методы сбора, анализа, систематизации и обработки информации. Шифр: В (ПК-17) -3
Трудоемкость, з.е.	144/4
Формы отчетности (в т.ч. по семестрам)	Зачёт с оценкой в 11 семестре