

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Наумова Наталия Александровна
Должность: Ректор
Дата подписания: 08.07.2026 10:50:03
Уникальный программный ключ:
6b5279da4e034b1679172803da5b7b559fc69e2

МИНИСТЕРСТВО ПРОСВЕЩЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ»
(ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ПРОСВЕЩЕНИЯ)

Физико-математический факультет
Кафедра вычислительной математики и информационных технологий

Согласовано
деканом физико-математического факультета

« 18 » 03 2026 г.

/Кулешова Ю.Д./

Согласовано

и.о. декана факультета естественных наук

« 18 » 03 2026 г.

/Лялина И.Ю./

Рабочая программа дисциплины

Биоинформатика (работа в базах данных)

Направление подготовки

06.04.01 Биология

Программа подготовки:

Биоинформатика и анализ больших данных в экологическом мониторинг

Квалификация

Магистр

Форма обучения

Очная

Согласовано учебно-методической комиссией
физико-математического факультета

Протокол « 18 » 03 2026 г. № 8

Председатель УМКом /Кулешова Ю.Д./

Рекомендовано кафедрой
вычислительной математики и
информационных технологий

Протокол от « 18 » 03 2026 г. № 9

Зав. кафедрой /Шевчук М.В./

Москва
2026

Авторы-составители:
Кузнецов В.С., кандидат физико-математических наук

Рабочая программа дисциплины «Биоинформатика (работа в базах данных)» составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.04.01 Биология, утверждённого приказом МИНОБРНАУКИ России от 11.08.2020 г. № 934.

Дисциплина входит обязательную часть Блока 1 «Дисциплины (модули)» и является обязательной для изучения.

Год начала подготовки (по учебному плану) 2026

СОДЕРЖАНИЕ

1. Планируемые результаты обучения	4
2. Место дисциплины в структуре образовательной программы	5
3. Объем и содержание дисциплины	5
4. Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы обучающихся	6
5. Фонд оценочных средств для проведения текущей и промежуточной аттестации по дисциплине	10
6. Учебно-методическое и ресурсное обеспечение дисциплины	23
7. Методические указания по освоению дисциплины	24
8. Информационные технологии для осуществления образовательного процесса по дисциплине	24
9. Материально-техническое обеспечение дисциплины	25

1. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ

1.1. Цель и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины является формирование у обучающихся систематизированных знаний и практических навыков работы с биоинформационными базами данных, освоение методов поиска, обработки и анализа биологических данных, а также развитие компетенций в области применения информационных технологий и инструментов биоинформатики для решения задач экологического мониторинга и анализа биологических систем.

Задачи дисциплины:

- формирование представлений о структуре и видах биоинформационных баз данных;
- изучение принципов хранения, организации и поиска биологических данных;
- освоение методов работы с геномными и экологическими базами данных;
- развитие навыков извлечения, обработки и интерпретации биологических данных;
- формирование умений применять биоинформационные инструменты для анализа больших данных;
- изучение методов аннотации и сравнения биологических последовательностей;
- развитие практических навыков использования биоинформационных ресурсов в задачах экологического мониторинга.

1.2. Планируемые результаты обучения

В результате освоения данной дисциплины у обучающихся формируются следующие компетенции:

ОПК-6. Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок;

ОПК-8. Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности

СПК-2. Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных

2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Дисциплина входит обязательную часть Блока 1 «Дисциплины (модули)» и является обязательной для изучения.

Компетенции, знания, умения и навыки, сформированные в ходе освоения дисциплины, должны использоваться и развиваться обучающимися в процессе последующей профессиональной деятельности при работе с биоинформационными базами данных, применении методов анализа биологических данных и больших массивов информации, использовании языков программирования, специализированного программного обеспечения и информационных технологий, а также при решении задач экологического мониторинга, геномного анализа и интерпретации биологических данных.

3. ОБЪЕМ И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

3.1. Объем дисциплины

Показатель объема дисциплины	Форма обучения
	очная
Объем дисциплины в зачетных единицах	3
Объем дисциплины в часах	108
Контактная работа:	14,2
Лекции	4

Практические занятия	10
Контактные часы на промежуточную аттестацию:	0,2
Зачет с оценкой	0,2
Самостоятельная работа	86
Контроль	7,8

Форма промежуточной аттестации: зачет с оценкой во 2 семестре.

3.2. Содержание дисциплины

Наименование разделов (тем) дисциплины с кратким содержанием	Количество часов	
	Лекции	Лабораторные занятия
Тема 1. Введение в биоинформатику. Особый подход к изучению живых систем – in silico. Алгоритмы обработки данных о структуре биологических макромолекул. Биологические макромолекулы, чья структура принципиально определяет свойства живых организмов и их частей. Специальные методы работы с биологической информацией.	1	2
Тема 2. Поиск и сравнение последовательностей Работа с первичной структурой биологических макромолекул. Записи последовательности белков и нуклеиновых кислот. Формат Fasta для записи биологических последовательностей. Количественная оценка сходства последовательностей. Выравнивание. Выравнивание справа и слева. Дифференцированная оценка совпадений или несовпадений различных мономеров. Матрицы замен. Матрицы аминокислотных и нуклеотидных замен. Количественный показатель сходства биологических последовательностей, или счет выравнивания.	1	2
Тема 3. Поиск биологической информации с помощью биоинформатических баз данных Специализированные ресурсы поиска информации в биологии: базы данных и инструментари: NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB для поиска информации о генах.	1	2
Тема 4. Основные алгоритмы решения задач биоинформатики Алгоритма глобального выравнивания последовательностей Нидлмана-Вунша. Выравнивание как анализ схожести генетических последовательностей (строк) с помощью алгоритма глобального выравнивания последовательностей Нидлмана-Вунша. Алгоритмы анализа белковых структур. Поиск функционального центра молекулы белка. Анализ взаимодействий в комплексе	1	4
Итого	4	10

4. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ОБУЧАЮЩИХСЯ

Темы для самостоятельного изучения	Изучаемые вопросы	Кол-во часов	Формы самостоятельной работы	Методическое обеспечение	Формы отчетности
Тема 1. Основы программирования для биоинформатиков (Python и R)	Базовые навыки написания скриптов, необходимых для автоматизации обработки данных. Работа со	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходим	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект

	строковыми переменными, регулярные выражения, библиотеки для работы с таблицами (Pandas) и статистические пакеты в R.		ыми ПП, консультации		
Тема 2. Биологические базы данных и форматы файлов	Знакомство с хранилищами, где систематизированы биологические знания. Работа с базами данных NCBI, Ensembl, UniProt. Изучение форматов файлов FASTA, FASTQ, BAM, VCF, используемых для записи геномной информации.	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультациями	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 3. Парные и множественные выравнивания последовательностей	Методы поиска сходств между ДНК, РНК или белками для определения их эволюционного родства (гомологии). Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Ватермана. Использование программ BLAST и MUSCLE.	8	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультациями	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 4. Оценка качества и фильтрация данных секвенирования (NGS)	Базовый этап анализа «сырых» данных, полученных с современных секвенаторов. Работа с утилитами FastQC и MultiQC. Оценка качества прочтений, обрезка адаптеров и низкокачественных участков.	6	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультациями	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 5. Картирование на референсный геном и выявление вариантов	Сборка геномных «пазлов» и поиск мутаций. Применение программ BWA или Bowtie для выравнивания ридов, а также инструментов вроде GATK для поиска однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) и инделей.	6	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультациями	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 6. Дифференциальная экспрессия генов (RNA-seq)	Анализ того, какие именно гены активны в клетке при различных условиях (например, в	12	Работа с литературой, сетью Интернет,	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект

	норме и при болезни). Изучение программного конвейера: от подсчета ридов до статистического анализа в пакете DESeq2 (язык R).		необходимыми ПП, консультации		
Тема 7. Анализ генных онтологий и путей	Переход от сотен дифференциально экспрессируемых генов к пониманию биологических процессов и функций клетки. Функциональное обогащение (Enrichment analysis), базы данных KEGG и Reactome, инструменты DAVID и g:Profiler.	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 8. Структурная биоинформатика и предсказание структур белков	Изучение трехмерной архитектуры белков и механизмов их взаимодействия с молекулами. Визуализация в программах PyMOL и UCSF Chimera. Применение инструментов предсказания структуры, таких как AlphaFold, и методов молекулярного докинга.	6	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 9. Эволюционная биология и филогенетический анализ	Реконструкция истории эволюции организмов на основе их генетических текстов. Построение филогенетических деревьев методами максимального правдоподобия (Maximum Likelihood) и присоединения соседей (Neighbor-Joining). Работа с пакетом MEGA или библиотеками в R.	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Итого		86			

5. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ТЕКУЩЕЙ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

5.1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы

Код и наименование компетенции	Этапы формирования
ОПК-6. Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок;	1. Работа на учебных занятиях. 2. Самостоятельная работа.
ОПК-8. Способен использовать современную исследовательскую аппаратуру и вычислительную технику для решения инновационных задач в профессиональной деятельности	1. Работа на учебных занятиях. 2. Самостоятельная работа.
СПК-2. Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных	3. Работа на учебных занятиях. 4. Самостоятельная работа.

5.2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
ОПК-6	Пороговый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: -основные виды биоинформационных и научных баз данных; -принципы организации и структуры биологических данных; -методы поиска, извлечения и обработки данных в профессиональных БД; Уметь: -осуществлять поиск и отбор данных в биоинформационных базах; -работать с инструментами анализа и визуализации биологических данных; -оформлять результаты исследований в научно-техническом виде;	Практическое занятие Конспект Тестирование	Шкала оценивания практического занятия Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования
	Продвинутый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: -основные виды биоинформационных и научных баз данных; -принципы организации и структуры биологических данных; -методы поиска, извлечения и обработки данных в профессиональных БД;	Практическое занятие Конспект Тестирование	Шкала оценивания практического занятия Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			Уметь: -осуществлять поиск и отбор данных в биоинформационных базах; -работать с инструментами анализа и визуализации биологических данных; -оформлять результаты исследований в научно-техническом виде; Владеть: -навыками работы с профессиональными биоинформационными ресурсами; -методами обработки и систематизации биологических данных; -технологиями представления результатов исследований;		ия
ОПК-8	Пороговый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: -принципы работы вычислительных систем и специализированного ПО в биоинформатике; -методы обработки больших биологических данных; -основы работы исследовательского оборудования и цифровых платформ анализа данных; Уметь: -использовать вычислительные ресурсы для анализа биологических данных; -применять программные средства для обработки результатов исследований; -проводить первичную обработку экспериментальных данных;	Практическое занятие Конспект Тестирование	Шкала оценивания практического занятия Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования
	Продвинутый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: -принципы работы вычислительных систем и специализированного ПО в биоинформатике; -методы обработки больших биологических данных; -основы работы	Практическое занятие Конспект Тестирование	Шкала оценивания практического занятия Шкала оценивания конспекта Шкала

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			исследовательского оборудования и цифровых платформ анализа данных; Уметь: -использовать вычислительные ресурсы для анализа биологических данных; -применять программные средства для обработки результатов исследований; -проводить первичную обработку экспериментальных данных; Владеть: -навыками использования вычислительной техники в биоинформатике; -методами обработки и анализа экспериментальных данных; -инструментами автоматизации обработки биологических данных;		оценивания тестирования
СПК-2	Пороговый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: -основы эпигенетики и виды эпигенетических данных; -принципы работы программ для эпигенетического анализа; -методы оценки качества эпигенетических данных; Уметь: -использовать программные средства для анализа эпигенетических данных; -проводить первичную обработку и фильтрацию данных; -оценивать качество и достоверность эпигенетической информации;	Практическое занятие Конспект Тестирование	Шкала оценивания практического занятия Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования
	Продвинутый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: -основы эпигенетики и виды эпигенетических данных; -принципы работы программ для эпигенетического анализа; -методы оценки качества эпигенетических данных; Уметь: -использовать программные средства для анализа эпигенетических данных;	Практическое занятие Конспект Тестирование	Шкала оценивания практического занятия Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			-проводить первичную обработку и фильтрацию данных; -оценивать качество и достоверность эпигенетической информации; Владеть: -навыками работы с программами эпигенетического анализа; -методами контроля качества биологических данных; -технологиями обработки и визуализации эпигенетических данных;		

Описание шкал оценивания
Шкала оценивания практической работы

Критерий оценивания	Баллы
Задание выполнено полностью, соответствует предъявляемым требованиям (к каждому заданию предъявляются свои требования, прописанные перед каждым заданием)	6
Задание выполнено полностью, но есть неточности в оформлении материала или совсем не соответствует требованиям, предъявляемым к оформлению	3
Задание выполнено не полностью или есть неточности в выполнении, есть неточности в оформлении материала или совсем не соответствует требованиям, предъявляемым к оформлению	2
Максимальное количество баллов	6

Шкала оценивания конспекта

Критерии оценивания	Баллы
Текст конспекта логически выстроен и точно изложен, ясен весь ход рассуждения	1
Даны ответы на все поставленные вопросы, изложены научным языком, с применением терминологии	1
Ответ на каждый вопрос заканчиваться выводом, сокращения слов в тексте отсутствуют (или использованы общепринятые)	0,5
Оформление соответствует образцу. Представлены необходимые таблицы и схемы	0,5
Максимальное количество баллов	3

Шкала оценивания тестирования

Критерии оценивания	Баллы за один правильный ответ
На вопрос дан правильный ответ	2
На вопрос дан неправильный ответ	0
Максимальное количество баллов	28

5.3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы

Пример тестового задания

1. Что такое ДНК-контиг (contig)?

- А) Набор перекрывающихся прочтений (reads), собранных вместе для восстановления более длинного участка генома.
- Б) Точечная мутация в одном нуклеотиде.
- В) Белок, отвечающий за упаковку ДНК.
- Г) Участок генома, который не кодирует белки.

2. Какая программа используется для поиска гомологов среди известных нуклеотидных или аминокислотных последовательностей (выполняет базовое локальное выравнивание)?

- А) BLAST.
- Б) PyMOL.
- В) ClustalW.
- Г) Rasmol.

3. В каком формате чаще всего хранятся биологические последовательности (текстовое представление с заголовком, начинающимся с символа >)?

- А) FASTA.
- Б) CSV.
- В) PDB.
- Г) JSON.

4. Какой из перечисленных нуклеотидов входит в состав РНК, но отсутствует в ДНК?

- А) Тимин.
- Б) Урацил.
- В) Гуанин.
- Г) Цитозин.

5. Что описывает догма молекулярной биологии в контексте передачи информации?

- А) Белок → РНК → ДНК.
- Б) ДНК → Углевод → РНК.
- В) ДНК → РНК → Белок.
- Г) РНК → ДНК → Белок.

6. Какой формат файла используется для хранения трехмерной (3D) структуры белков и нуклеиновых кислот?

- А) FASTA.
- Б) FASTQ.
- В) PDB.
- Г) VCF.

7. Процесс трансляции — это синтез:

- А) РНК на матрице ДНК.
- Б) Белка на матрице мРНК.
- В) ДНК на матрице ДНК.
- Г) РНК на матрице РНК.

8. В биоинформатике под "множественным выравниванием" понимают:

- А) Сравнение двух последовательностей между собой.
- Б) Сопоставление трех и более биологических последовательностей для поиска консервативных участков.

- В) Анализ структуры одного белка.
 - Г) Статистический анализ экспрессии генов.
9. Что обозначает аббревиатура SNP (СНП) в геномике?

- А) Синтетический нуклеотидный полиморфизм.
- Б) Структурный нуклеотидный повтор.
- В) Однонуклеотидный полиморфизм.
- Г) Специальный нуклеотидный белок.

10. В чем заключается главная цель транскриптомики?

- А) Определение последовательности всего генома организма.
- Б) Изучение всех метаболитов в клетке.
- В) Анализ структуры белков.
- Г) Измерение уровня экспрессии всех молекул РНК в клетке или ткани в конкретных условиях.

Пример практической работы

Тема: «Поиск эволюционного родства: множественное и парное выравнивание белков»

Цель работы

Понять, как алгоритмы выравнивания ДНК и белков позволяют определять их функции, искать мутации и строить эволюционные деревья.

Задачи

1. Найти и скачать гомологичные белковые последовательности из базы данных.
2. Провести множественное и парное выравнивание.
3. Проанализировать консервативные участки (сохранившиеся в процессе эволюции).
4. Определить степень родства между разными видами.

Ход работы

Шаг 1. Сбор данных

Воспользуемся базой данных NCBI Protein.

Представьте, что вы изучаете белок **инсулин** человека.

1. Найдите аминокислотную последовательность инсулина человека (*Homo sapiens*).
2. Найдите аналогичные последовательности (ортологи) для 4–5 других видов: шимпанзе (*Pan troglodytes*), мыши (*Mus musculus*), коровы (*Bos taurus*) и курицы (*Gallus gallus*).

Шаг 2. Множественное выравнивание

Для этой части работы мы используем онлайн-инструмент Uniprot Align.

1. Скопируйте все найденные последовательности в формате FASTA в окно ввода.
2. Запустите инструмент выравнивания.
3. Изучите полученную матрицу:
 - Найдите аминокислоты, которые совпадают во всех рядах (они выделены цветом или звездочкой внизу). Это **абсолютно консервативные участки** — они критически важны для работы белка.
 - Посмотрите на «гэпы» (прочерки -). Они показывают, где в ходе эволюции произошла вставка или делеция (выпадение) участка цепи.

Шаг 3. Парное выравнивание

Сравним два вида напрямую, чтобы узнать точный процент сходства.

1. Откройте онлайн-калькулятор парного выравнивания EMBOSS Needle.
2. Загрузите последовательность человека в первое окно, а мыши — во второе. Оставьте стандартные параметры (матрица: BLOSUM62).
3. Запустите программу.
4. Зафиксируйте показатели **Identity** (процент точных совпадений) и **Similarity** (процент аминокислот с похожими физико-химическими свойствами).

Шаг 4. Анализ результатов

Ответьте на контрольные вопросы:

1. Какой процент идентичности оказался между инсулином человека и мыши? О чем это говорит?
2. Какие аминокислоты абсолютно не изменились во всех исследованных видах? С чем связана такая стабильность?
3. В последовательности какого из выбранных вами видов больше всего отличий (несовпадений) по сравнению с человеком? Почему это эволюционно логично?

Примерные темы конспектов

1. **Биологические базы данных и форматы файлов.** Основы поиска, хранения и представления нуклеотидных и аминокислотных последовательностей (FASTA, FASTQ, GenBank, UniProt).
2. **Парное и множественное выравнивание.** Алгоритмы поиска гомологии, принципы динамического программирования (глобальное и локальное выравнивание), методы BLAST и Clustal Omega.
3. **Филогенетический анализ.** Построение эволюционных древ (методы максимальной экономии, UPGMA, Neighbor-Joining) на основе анализа молекулярных данных.
4. **Метагеномика и анализ микробиома.** Изучение микробных сообществ, принципы секвенирования генов 16S рРНК и создание профилей распределения таксонов.
5. **Транскриптомика (RNA-seq).** Анализ экспрессии генов, методы нормализации данных, дифференциальная экспрессия и визуализация профилей транскрипции.
6. **Структурная биоинформатика.** Предсказание 3D-структуры белков, методы гомологичного моделирования, использование алгоритмов вроде AlphaFold и анализ доменов.
7. **Геномные вариации и ассоциативные исследования.** Поиск однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), картирование и GWAS для выявления генетических маркеров заболеваний.
8. **Машинное обучение в биоинформатике.** Применение нейросетей и алгоритмов кластеризации для классификации биологических данных, поиска мотивов и аннотации генома.

Примерные вопросы к зачету с оценкой

1. Что изучает биоинформатика и какова её роль в современной науке?
2. Основные типы биологических последовательностей и их форматы (FASTA, FASTQ).
3. Что такое NCBI, EBI и DDBJ? Их роль в хранении биологических данных.
4. Специализированные базы данных (UniProt, PDB, Ensembl).
5. Как устроены геномные браузеры (например, UCSC Genome Browser)?
6. В чем разница между глобальным и локальным выравниванием?
7. Динамическое программирование: алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермана.
8. Эвристические методы поиска: принцип работы программ BLAST и FASTA.
9. Что такое матрицы замен (PAM и BLOSUM) и как они применяются?
10. Множественное выравнивание последовательностей (алгоритм Clustal Omega) и его назначение.
11. Основные этапы построения филогенетических деревьев.
12. Методы дистанционных матриц (UPGMA, Neighbor-Joining).
13. Метод максимальной парсимонии (Maximum Parsimony).
14. Метод максимального правдоподобия (Maximum Likelihood) и Байесовский подход.
15. Как оценивается надежность филогенетического дерева (метод бутстрепа)?
16. Секвенирование следующего поколения (NGS) — основные платформы (Illumina, PacBio).
17. Как работает алгоритм сборки генома *de novo* и с помощью чего собирают геномы по референсу?
18. Поиск генов и регуляторных элементов *in silico* (аннотация генома).

19. Анализ данных РНК-секвенирования (RNA-seq): отсчет экспрессии и поиск дифференциально экспрессирующихся генов.
20. Метагеномика и изучение микробиома с помощью биоинформатических методов.
21. Уровни организации белков и принцип работы с базой данных PDB.
22. Моделирование белков по гомологии (Comparative Modeling) — основные этапы.
23. Предсказание вторичной структуры белка (методы Chou-Fasman, PHD, PSIPRED).
24. Молекулярный докинг (Molecular Docking) и его роль в дизайне лекарств.
25. Методы молекулярной динамики (MD) для изучения свойств биополимеров.
26. Применение методов машинного обучения (нейросети, случайные леса) в биоинформатике.
27. Что такое кластеризация данных (иерархическая, k-means) в контексте генных сетей?
28. Анализ биологических сетей (белок-белковые взаимодействия, метаболические пути).
29. Фармакоинформатика: методы скрининга и поиска новых биологически активных веществ.
30. Основные языки программирования в биоинформатике (Python, R) и их библиотеки.

5.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций

Требования к зачету с оценкой

Формами текущего контроля являются тестирование, практическая работа, конспект.

Общее количество баллов по дисциплине - 100 баллов.

Максимальное количество баллов, которое можно набрать в течение семестра за выполнение практических работ, написание конспектов и тестирования - 70 баллов.

Формой промежуточной аттестации является зачет с оценкой. Зачет с оценкой проходит в устной форме по вопросам.

На зачет с оценкой выносится материал, излагаемый в лекционном курсе и рассматриваемый на лабораторных занятиях. Для получения зачета с оценкой необходимо правильно ответить на несколько поставленных вопросов. В затруднительных ситуациях (в отдельных случаях) допускается на зачете с оценкой воспользоваться тетрадью с записью материалов лекций в присутствии преподавателя. При этом преподаватель может убедиться, в какой степени студент ориентируется в «своих» материалах, и по ряду дополнительных вопросов (по тетради).

Структура оценивания зачета с оценкой

Критерии оценивания	Баллы
Ставится, если студент обнаруживает всестороннее, систематическое и глубокое знание программного материала по дисциплине; обстоятельно анализирует структурную взаимосвязь рассматриваемых тем и разделов дисциплины; усвоил основную и знаком с дополнительной литературой, рекомендованной программой, а также усвоил взаимосвязь основных понятий дисциплины в их значении для приобретаемой профессии; проявил творческие способности в понимании, изложении и использовании учебного материала.	26-30
Ставится, если студент, обнаруживает полное знание программного материала, успешно выполняет предусмотренные в программе задания; усвоил основную литературу, рекомендованную в программе; показал систематический характер знаний по дисциплине и способен к их самостоятельному пополнению и обновлению в ходе дальнейшей образовательной деятельности.	21-25
Ставится, если студент обнаруживает знание основного программного материала в	15-20

Критерии оценивания	Баллы
объеме, необходимом для дальнейшего обучения и профессиональной деятельности; справляется с выполнением заданий, предусмотренных программой; знаком с основной литературой, рекомендованной программой; допускает погрешности не принципиального характера в ответе на экзамене.	
Ставится в том случае, если студент обнаруживает пробелы в знаниях основного программного материала, допускает принципиальные ошибки в выполнении предусмотренных программой заданий.	0-14

Итоговая шкала оценивания результатов освоения дисциплины

Итоговая оценка по дисциплине формируется из суммы баллов по результатам текущего контроля и промежуточной аттестации и выставляется в соответствии с приведенной ниже таблицей.

Оценка по 100-балльной системе	Оценка по традиционной системе
81 – 100	отлично
61 - 80	хорошо
41 - 60	удовлетворительной
0 - 40	неудовлетворительно

6. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И РЕСУРСНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

6.1. Основная литература

1. Антао, Т. Биоинформатика с Python: книга рецептов: Современные библиотеки и приложения Python для решения реальных задач вычислительной биологии : практическое руководство / Т. Антао ; пер. с англ. И. Л. Люско. – Москва : ДМК Пресс, 2023. - 345 с. – ISBN 978-5-93700-201-3. - Текст : электронный. - URL: <https://znanium.ru/catalog/product/2204233> (дата обращения: 01.06.2026).
2. Компо, Ф. Алгоритмы биоинформатики : практическое руководство / Ф. Компо, П. Певзнер ; пер. с англ. И. Л. Люско. - Москва : ДМК Пресс, 2023. - 684 с. - ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст : электронный. - URL: <https://znanium.ru/catalog/product/2109518> (дата обращения: 01.06.2026).
3. Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 249 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-20194-9. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/583663> (дата обращения: 01.06.2026).

6.2. Дополнительная литература

1. Brubaker, S. Bioinformatics with Python Cookbook: Solve advanced computational biology problems and build production pipelines with Python and AI tools / S. Brubaker. — 4th ed. — Birmingham : Packt Publishing, 2025. — 618 p. — ISBN 978-1836642756
2. Ravarani, C. Deep Learning for Biology: Harness AI to Solve Real-World Biology Problems / C. Ravarani, N. Latysheva. — Sebastopol : O'Reilly Media, 2025. — 434 p. — ISBN 978-1098168032.

6.3. Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

1. Интернет-Университет Информационных Технологий [Электронный ресурс]. - Режим доступа: <http://www.intuit.ru>
2. MOOK Государственного университета просвещения. - Режим доступа: <https://online.eduprosvet.ru/mod/page/view.php?id=18795>
3. Сайт Министерства науки и высшего образования РФ [Электронный ресурс]. - Режим доступа: <https://minobrnauki.gov.ru/>

4. Электронная версия журнала «Вестник образования» [Электронный ресурс]. - Режим доступа: www.vestnik.edu.ru
5. Электронно-библиотечная система Лань <https://e.lanbook.com>
6. ООО «Электронное издательство Юрайт» <https://urait.ru>

7. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ

1. Методические рекомендации по подготовке к практическим занятиям.
2. Методические рекомендации по организации самостоятельной работы магистрантов.

8. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Лицензионное программное обеспечение:

Microsoft Windows
Microsoft Office
Kaspersky Endpoint Security

Информационные справочные системы:

Система «КонсультантПлюс»

Профессиональные базы данных

fgosvo.ru – Портал Федеральных государственных образовательных стандартов высшего образования
pravo.gov.ru – Официальный интернет-портал правовой информации
www.edu.ru – Федеральный портал Российское образование

Свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства

ОМС Плеер (для воспроизведения Электронных Учебных Модулей)
7-zip
Google Chrome

9. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Материально-техническое обеспечение дисциплины включает в себя:

- учебные аудитории для проведения учебных занятий, оснащенные оборудованием и техническими средствами обучения: комплект учебной мебели, доска, технические средства обучения (проектор подвесной, компьютер стационарный - моноблок);

- помещения для самостоятельной работы обучающихся, оснащенные компьютерной техникой, подключенной к сети Интернет, обеспеченные доступом к электронной информационно-образовательной среде Университета. Персональные компьютеры с подключением к сети Интернет и обеспечением доступа к электронным библиотекам и в электронную информационно-образовательную среду Университета. Доска. Программное обеспечение: Лицензионное программное обеспечение: Зарубежное: Microsoft Windows, Microsoft Office Отечественное: Kaspersky Endpoint Security Свободно распространяемое программное обеспечение: Зарубежное: Google Chrome, 7-zip Отечественное: ОМС Плеер (для воспроизведения Электронных Учебных Модулей) Информационные справочные системы: система «КонсультантПлюс» Профессиональные базы данных: fgosvo.ru pravo.gov.ru;

- помещение для самостоятельной работы для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья, оснащенное компьютерной техникой, подключенной к сети Интернет, обеспечено доступом к электронно-образовательной среде Университета, Комплект учебной мебели, персональные компьютеры с подключением к сети Интернет и обеспечением

доступа к электронным библиотекам и в электронную информационно-образовательную среду Университета, доска, проектор подвесной.