

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Наумова Наталия Александровна
Должность: Ректор
Дата подписания: 08.07.2026 10:50:04
Уникальный программный ключ:
6b5279da4e034b1679172803da5b7b559f669e2

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

Языки программирования для биоинформатиков

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. № 6
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 «Языки программирования для биоинформатиков» 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 часть, формируемую участниками образовательных отношений 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	4
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	9
6. Учебно-методическое и ресурсное обеспечение дисциплины	21
7. Методические указания по освоению дисциплины	22
8. Информационные технологии для осуществления образовательного процесса по дисциплине	22
9. Материально-техническое обеспечение дисциплины	23

1. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ

1.1. Цель и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины является формирование у обучающихся систематизированных знаний и практических навыков использования современных языков программирования для решения задач биоинформатики, анализа биологических и экологических данных, а также развитие компетенций в области разработки алгоритмов, обработки больших данных и применения программных средств для исследования биологических систем.

Задачи дисциплины:

- формирование представлений о роли языков программирования в биоинформатике и анализе больших данных;
- изучение основных языков программирования, применяемых в биоинформатике;
- освоение базовых алгоритмов обработки биологических последовательностей и структур данных;
- развитие навыков работы с биоинформационными данными с использованием программных средств;
- формирование умений разрабатывать программные решения для анализа биологических и экологических данных;
- изучение методов автоматизации обработки больших массивов биологических данных;
- развитие практических навыков применения программирования для задач экологического мониторинга и биоинформационного анализа.

1.2. Планируемые результаты обучения

В результате освоения данной дисциплины у обучающихся формируются следующие компетенции:

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

СПК-4. Способен проводить экспертно-аналитическую работу при проведении научных исследований и экспериментальных работ

2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Дисциплина входит часть, формируемую участниками образовательных отношений 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 разработке и применении программных решений на языках программирования для биоинформатики, обработке и анализе биологических и экологических данных, работе с биоинформационными базами данных, использовании специализированного программного обеспечения и современных информационных технологий, а также при решении задач геномного анализа, экологического мониторинга и интерпретации результатов биоинформационных исследований.

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
Лабораторные работы	10
Контактные часы на промежуточную аттестацию:	0,2
Зачет	0,2
Самостоятельная работа	86
Контроль	7,8

Форма промежуточной аттестации: зачет в 3 семестре.

3.2. Содержание дисциплины

Наименование разделов (тем) дисциплины с кратким содержанием	Количество часов	
	Лекции	Лабораторные занятия
Тема 1. Введение в язык программирования Python. Работа с различными структурами данных в языке программирования Python. Познакомиться с основными операциями и конструкциями языка Python и изучить библиотеки анализа биологической информации в Python,	1	2
Тема 2. Поиск мотивов в ДНК последовательности. Алгоритмы поиска подстроки в строке. Алгоритм и его программная реализация решения задачи поиска мотивов в ДНК последовательности с помощью построения альтернативного представления задачи как поиска медианной строки. Построение дерева поиска. Решение задачи поиска мотивов путем сканирования дерева поиска, применение алгоритма ветвей и границ для эффективного решения задачи поиска мотивов. Поиск повторов в геномной последовательности. Алгоритм множественного поиска строк с построением и использованием суффиксных деревьев. Использование алгоритма поиска точного совпадения строки. Подсчет основных метрик оценки структуры последовательности нуклеотидов: GC- содержание, частота k-меров в последовательности.	1	2
Тема 3. Поиск биологической информации с помощью биоинформатических баз данных с использованием языка программирования Python Специализированные базы данных и инструментарий: 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. Алгоритма локального выравнивания последовательностей Ватермана-Смита. Алгоритм для задачи предсказания белок-кодирующих участков (положение гена) в генетической последовательности.	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. Визуализация данных	Общие принципы представления данных. Приемы визуализации данных	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 2. Программирование GUI	Общие принципы разработки GUI. Программирование и использование элементов GUI.	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 3. Основы алгоритмизации	Алгоритмический подход при решении задач. Алгоритм. Свойства алгоритмов. Различные способы записи алгоритмов. Алгоритмические конструкции. Описание работы алгоритма Евклида, используя словесную запись, используя блок-схему	8	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 4. Основы программирования решения задач на линейных алгоритмах	Арифметические операции. Целочисленная арифметика. Решение задач	6	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 5. Основы программирования решения задач на алгоритмах с ветвлением	Логические операции. Логические выражения. Условные выражения. Условные конструкции. Решение задач	6	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 6. Основы программирования решения задач на алгоритмах с	Циклы. Цикл с условием, цикл со счетчиком (параметром) Циклические конструкции.	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект

циклами	Решение задач				
Тема 7. Основы программирования решения задач с использованием структурированных типов данных	Массивы. Одномерные, двумерные и многомерные. Сортировка массивов. Работа со строками. Решение задач	12	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 8. Основы программирования решения задач с использованием подпрограмм	Функции. Локальные и глобальные переменные. Параметры функции. Встроенные функции и пользовательские функции. Использование функций в приближенных вычислениях. Программирование рекурсивных алгоритмов. Решение задач	6	Работа с литературой, сетью Интернет, необходимыми ПП, консультации	Учебно-методическое обеспечение дисциплины	Конспект
Тема 9. Основы программирования графики	Основы использования графических библиотек. Создание графического окна приложения. Математическая и экранная системы координат. Использование функций для перехода между системами координат. Основы визуализации данных. Решение задач	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
СПК-2. Способен использовать программы для эпигенетического анализа и качества эпигенетических данных	1. Работа на учебных занятиях. 2. Самостоятельная работа.
СПК-4. Способен проводить экспертно-аналитическую работу при проведении научных исследований и экспериментальных работ	1. Работа на учебных занятиях. 2. 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
СПК-2	Пороговый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: - основные понятия эпигенетики и типы эпигенетических данных; принципы работы программных средств эпигенетического анализа; - методы оценки качества и достоверности эпигенетических данных; источники ошибок и искажений в эпигенетических наборах данных. Уметь: - использовать программные инструменты для обработки эпигенетических данных; - выполнять первичную фильтрацию и подготовку данных к анализу; - проводить оценку качества эпигенетических данных; - интерпретировать результаты эпигенетического анализа.	Лабораторные работы Конспект Тестирование	Шкала оценивания лабораторной работы Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования
	Продвинутый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: - основные понятия эпигенетики и типы эпигенетических данных; принципы работы программных средств эпигенетического анализа; - методы оценки качества и достоверности эпигенетических данных; источники ошибок и искажений в эпигенетических наборах данных. Уметь: - использовать программные инструменты для обработки эпигенетических данных;	Лабораторные работы Конспект Тестирование	Шкала оценивания лабораторной работы Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			- выполнять первичную фильтрацию и подготовку данных к анализу; - проводить оценку качества эпигенетических данных; - интерпретировать результаты эпигенетического анализа. Владеть: - навыками работы с программами эпигенетического анализа; - методами контроля качества биологических данных; - инструментами визуализации эпигенетических профилей; - практическими навыками обработки и интерпретации эпигенетических данных.		
СПК-4	Пороговый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: - методы экспертного анализа научных и экспериментальных данных; - принципы организации и проведения научных исследований; - основы статистической обработки биологических данных; - требования к оформлению научно-аналитических материалов. Уметь: - проводить анализ и интерпретацию результатов научных исследований; - применять методы статистической обработки данных; - выявлять закономерности и аномалии в экспериментальных данных; - оформлять аналитические отчёты по результатам исследований.	Лабораторные работы Конспект Тестирование	Шкала оценивания лабораторной работы Шкала оценивания конспекта Шкала оценивания тестирования
	Продвинутый	1. Работа на учебных занятиях 2. Самостоятельная работа	Знать: - методы экспертного анализа научных и экспериментальных данных; - принципы организации и проведения научных исследований; - основы статистической обработки	Лабораторные работы Конспект Тестирование	Шкала оценивания лабораторной работы Шкала оценивания конспекта Шкала

Оцениваемые компетенции	Уровень сформированности	Этап формирования	Описание показателей	Критерии оценивания	Шкала оценивания
			биологических данных; -требования к оформлению научно-аналитических материалов. Уметь: -проводить анализ и интерпретацию результатов научных исследований; -применять методы статистической обработки данных; -выявлять закономерности и аномалии в экспериментальных данных; -оформлять аналитические отчёты по результатам исследований. Владеть: -навыками экспертной оценки научных данных; -методами анализа экспериментальных результатов; -инструментами статистической обработки информации; -технологиями подготовки научно-аналитических заключений.		оценивания тестирования

Описание шкал оценивания
Шкала оценивания лабораторной 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. Какая библиотека языка Python чаще всего используется для программного доступа к базам данных NCBI (поиск, скачивание последовательностей)?

- A) pandas
- Б) Bio.Entrez**
- B) numpy
- Г) matplotlib

2. Какой метод модуля Bio.Entrez используется для отправки запросов (например, поиска ID генов) в базу данных NCBI?

- A) search()
- Б) esearch()**
- B) efetch()
- Г) equery()

3. Если в результате выполнения функции Entrez.esearch() мы получили словарь, по какому ключу (key) можно извлечь список найденных идентификаторов (ID)?

- A) 'Records'
- Б) 'IdList'**
- B) 'Count'
- Г) 'QueryTranslation'

4. Какой формат файла обычно используется для получения полной информации о последовательности (включая аннотацию, координаты генов, авторов) из NCBI с помощью функции Entrez.efetch()?

- A) FASTA
- Б) GenBank (gb)**
- B) FASTQ
- Г) SAM

5. Для загрузки нуклеотидной последовательности в формате FASTA с помощью Biopython применяется функция:

- A) SeqIO.read()
- B) SeqIO.write()
- Б) Entrez.efetch()**
- Г) Entrez.esearch()

6. Какая функция из модуля Bio.SeqIO используется для чтения одной записи из файла, содержащего последовательность?

- А) SeqIO.read()**
- Б) SeqIO.parse()

В) SeqIO.get()

Г) SeqIO.load()

7. Какую информацию Biopython извлекает из FASTA-файла (или возвращает объект типа SeqRecord)?

А) Саму последовательность и её идентификатор (ID)

Б) Филогенетическое дерево

В) Трёхмерную структуру белка (PDB)

Г) Описание того, как белок сворачивается в клетке

8. Какая база данных используется для поиска информации о белках, их функциях, структуре и посттрансляционных модификациях (Biopython предоставляет модуль Bio.SwissProt)?

А) GeneBank

Б) UniProt

В) PDB

Г) OMIM

9. Какой формат используется для извлечения данных о трёхмерной структуре макромолекул (белков, ДНК, РНК) из базы данных PDB (Protein Data Bank)?

А) FASTA

Б) VCF

В) PDB (или mmCIF)

Г) BED

10. Для доступа к базе данных UniProt в Python и программного получения информации о белке чаще всего используют запросы к веб-серверу с помощью библиотек:

А) urllib или requests

Б) Bio.SeqUtils

В) Bio.Blast

Г) Верны варианты А и Б

Пример лабораторной работы

Практическая работа направлена на закрепление навыков реализации и применения классических алгоритмов поиска подстроки (Кнута-Морриса-Пратта, Бойера-Мура и Рабина-Карпа). Включает задачи от базового сравнения до олимпиадного уровня.

Задание 1. Базовая реализация и профилирование

Реализуйте функцию поиска первого вхождения подстроки для трех алгоритмов:

1. Алгоритм **Кнута-Морриса-Пратта (КМП)** (с вычислением префикс-функции).
2. Алгоритм **Бойера-Мура** (с использованием таблицы плохих символов).
3. Алгоритм **Рабина-Карпа** (с полиномиальной хеш-функцией).

Задача: Сравните время их выполнения на строке длиной (10^6) символов (например, "Война и мир" или сгенерированная случайная последовательность) и подстроке из 15 символов, находящейся в конце текста. Результаты (время в мс) оформите в виде таблицы.

Задание 2. Поиск анаграмм (Алгоритм Рабина-Карпа)

Реализуйте модификацию алгоритма Рабина-Карпа для поиска всех вхождений *всех возможных анаграмм* заданной строки (P) (длины (m)) в тексте (T) (длины (n)).

- Порядок символов в анаграмме не имеет значения.
- Исходный текст и шаблон задаются пользователем.

Задание 3. Поиск подстрок с маской (модифицированный КМП)

Реализуйте функцию поиска подстроки по шаблону, содержащему подстановочный символ ? (джокер), который может означать любой символ.

• *Пример:* при шаблоне A?C и строке ABACABA алгоритм должен найти совпадения на индексах 0 и 4.

• **Подсказка:** Модифицируйте префикс-функцию так, чтобы она не учитывала символ ? при сравнении.

Задание 4. Анализ ДНК (Алгоритм Бойера-Мура)

Имеется база данных генетических последовательностей (строка `\(T\)` длиной 50 000 символов, состоящая из букв А, С, G, Т). Напишите программу, которая принимает список из 10 различных паттернов (длины 7-10 символов) и находит все позиции их вхождений в тексте с помощью **Бойера-Мура**.

- Выведите общее количество сравнений символов, сделанных каждым паттерном.

Задание 5. Задача о длиннейшем общем палиндроме

На вход подается строка `\(S\)` (длиной до `\(5000\)` символов). Найдите в ней самую длинную подстроку, которая является палиндромом.

- Используйте алгоритм поиска подстроки для быстрой проверки сгенерированных кандидатов (например, проверку хешей половин строки с помощью скользящего окна Рабина-Карпа).

Примерные темы конспектов

1. Прямые и сравнительные методы поиска генов
2. Статистический анализ нуклеотидных последовательностей
3. Дискриминантный анализ и анализ частот встречаемости
4. Скрытые марковские модели (НММ) в биоинформатике
5. Алгоритмы *ab initio* прогнозирования генов
6. Эвристические методы и алгоритмы поиска гомологии
7. Интеграция данных и мета-прогнозирование
8. Машинное обучение и искусственный интеллект в аннотации генома

Примерные вопросы к зачету

1. Каковы основные различия между интерпретируемыми (Python) и компилируемыми (C/C++) языками с точки зрения биоинформатических вычислений?
2. Какие структуры данных в Python наиболее эффективны для хранения табличных данных (например, аннотации генов) и почему?
3. Объясните концепцию ленивых вычислений (generators) на примере обработки больших файлов формата FASTQ.
4. Как регулярные выражения (RegEx) применяются для поиска сайтов рестрикции или мотивов в белковых последовательностях?
5. Напишите код для эффективного построчного чтения FASTA-файла, чтобы не перегружать оперативную память.
6. В чем разница между list, set и dict в Python при поиске уникальных идентификаторов генов? Приведите примеры использования.
7. Как осуществляется взаимодействие скрипта на Python с базами данных NCBI через Entrez (модуль Bio.Entrez)?
8. Опишите структуру объекта SeqRecord в библиотеке Biopython и приведите пример извлечения информации о координатах гена.
9. Как в Python реализуется парсинг файлов формата GFF3/GTF для анализа структуры транскриптов?
10. Какие библиотеки Python используются для визуализации геномных данных (например, для построения heatmap или геномных треков) и каковы их особенности?
11. Почему язык R является стандартом де-факто для статистического анализа в биоинформатике?
12. Объясните разницу между объектами типа vector, matrix, list и data.frame в R.
13. Что такое tibble и чем он удобнее классического data.frame при работе с таблицами экспрессии генов?
14. Как работает концепция "сплит-применение-комбинирование" (split-apply-combine) при использовании пакета dplyr?

15. Какие функции в R используются для транспонирования и объединения матриц экспрессии (например, merge, join)?
16. Как написать функцию apply в R для вычисления среднего уровня экспрессии по всем генам (строкам матрицы)?
17. Каким образом ggplot2 использует грамматику графиков для создания точечных диаграмм (scatterplot) с наложенными линиями тренда?
18. Как выполнить множественное тестирование гипотез (Multiple Testing Correction) в R для контроля уровня ложноположительных результатов (FDR) при RNA-seq?
19. Объясните процесс кластеризации данных экспрессии (иерархическая кластеризация и метод k-средних) с помощью встроенных функций R.
20. Как осуществляется визуализация результатов дифференциальной экспрессии с помощью графика (Volcano plot) в R?
21. Какие алгоритмы лежат в основе парсинга файлов формата BAM и как извлечь информацию о выравнивании прочтений в Python (библиотека pysam)?
22. Какова архитектура создания воспроизводимых биоинформатических пайплайнов с использованием систем управления рабочими процессами (Nextflow или Snakemake)?
23. Как в рамках пайплайна обрабатываются пропуски, дубликаты и нулевые значения (zero-inflated data) в матрицах RNA-seq?
24. Объясните принцип работы алгоритма поиска гомологов с помощью BLAST. Как автоматизировать запуск локального BLAST и парсить XML-вывод в Python?
25. Как реализовать поиск SNPs (однонуклеотидных полиморфизмов) по файлу формата VCF с использованием командной строки и Python/R?
26. В чем заключаются особенности объектной модели GRanges в R/Bioconductor и как с ее помощью выполнять пересечение геномных интервалов (bedtools-подобные операции)?
27. Какие существуют способы аннотации генов (например, конвертация Ensembl ID в Gene Symbol) с использованием пакетов org.Hs.eg.db в R?
28. Как осуществляется контроль качества (Quality Control) прочтений FASTQ (например, с использованием FastQC) и фильтрация данных в автоматизированном скрипте?
29. Что такое функциональное обогащение (Gene Ontology Enrichment analysis) и как его выполнить средствами пакета clusterProfiler в R?
30. Опишите базовый алгоритм трансляции ДНК в белок с учетом открытых рамок считывания (ORF) и возможность его реализации на Python.

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

Требования к зачету

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 - 80 баллов.

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

Шкала оценивания зачета

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.	16-20

Критерии оценивания	Баллы
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.	11-15
Ставится, если студент обнаруживает знание основного программного материала в 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.	5-10
Ставится в том случае, если студент обнаруживает пробелы в знаниях основного программного материала, допускает принципиальные ошибки в выполнении предусмотренных программой заданий.	0-4

Итоговая шкала оценивания результатов освоения дисциплины

Итоговая оценка по дисциплине выставляется по приведенной ниже шкале. При выставлении итоговой оценки преподавателем учитывается работа обучающегося в течение освоения дисциплины, а также оценка по промежуточной аттестации.

Количество баллов	Оценка по традиционной шкале
81-100	Зачтено
61-80	Зачтено
41-60	Зачтено
0-40	Не зачтено

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. Маккинни, У. Python и анализ данных. Первичная обработка данных с применением pandas, NumPy и Jupiter / У. Маккинни ; пер. А. А. Слинкина. - 3-е изд. -Москва : ДМК Пресс, 2023. - 537 с. - ISBN 978-5-93700-174-0. - Текст : электронный. - URL: <https://znanium.ru/catalog/product/2150530> (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. 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)
2. Меджедович, Д. Алгоритмы и структуры для массивных наборов данных : практическое руководство / Д. Меджедович, Э. Тахирович ; пер. с англ. А. В. Логунова. – Москва :

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.