

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ
ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«Национальный исследовательский ядерный университет «МИФИ»
Саровский физико-технический институт -
филиал федерального государственного автономного образовательного учреждения
высшего образования «Национальный исследовательский ядерный университет «МИФИ»
(СарФТИ НИЯУ МИФИ)
ФИЗИКО-ТЕХНИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра теоретической физики

УТВЕРЖДАЮ:

Декан ФТФ, член корреспондент
РАН, д.ф.-м.н.

_____ А.К. Чернышев
« ____ » _____ 2023г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

Биоинформатика

наименование дисциплины

Направление подготовки (специальность)	03.03.01 Прикладные математика и физика
Наименование образовательной программы	Физика живых систем
Квалификация (степень) выпускника	магистр
Форма обучения	очная

Программа одобрена на заседании кафедры

Зав. кафедрой ТФ,

протокол № _____ от 2023 г.

« ____ » _____ 2023 г.

г. Саров, 2023 г.

Программа переутверждена на 202____/202____ учебный год с изменениями в соответствии с семестровыми учебными планами академических групп ФТФ на 202____/202____ учебный год.

Заведующий кафедрой ТФ,

Программа переутверждена на 202____/202____ учебный год с изменениями в соответствии с семестровыми учебными планами академических групп ФТФ на 202____/202____ учебный год.

Заведующий кафедрой ТФ,

Программа переутверждена на 202____/202____ учебный год с изменениями в соответствии с семестровыми учебными планами академических групп ФТФ на 202____/202____ учебный год.

Заведующий кафедрой ТФ,

Программа переутверждена на 202____/202____ учебный год с изменениями в соответствии с семестровыми учебными планами академических групп ФТФ на 202____/202____ учебный год.

Заведующий кафедрой ТФ,

Программа переутверждена на 202____/202____ учебный год с изменениями в соответствии с семестровыми учебными планами академических групп ФТФ на 202____/202____ учебный год.

Заведующий кафедрой ТФ,

Семестр	В форме прак- тической подго- товки	Трудоемкость, кред.	Общий объем курса, час.	Лекции, час.	Практич. заня- тия, час.	Лаборат. работы, час.	СРС, час.	КР/ КП	Форма(ы) кон- троля, экз./зач./ЗсО/
3	32	5	144	16	32	-	96	36	Экз.
ИТОГО	32	5	144	16	32	-	96	36	Экз.

АННОТАЦИЯ

Дисциплина "Биоинформатика" предназначена для ознакомления студентов с современными представлениями о предмете и основных концепциях биоинформатики, объектах изучения, методах и алгоритмах получения, представления и анализа данных.

1. ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

Основной целью освоения дисциплины «Биоинформатика» является получение студентами основополагающих сведений о содержании и возможностях биоинформатики, возможностях приложения методов биоинформатики к решению фундаментальных и прикладных проблем молекулярной биологии, молекулярной генетики, клеточной биологии, биомедицины, фармакологии, экологии и задач, возникающих на стыке этих наук с математикой и информатикой.

В результате освоения курса студент должен

- получить навыки работы с банками первичных последовательностей и структур биологических макромолекул,
- активно использовать библиографические базы,
- ориентироваться в биоинформационных программах анализа биологических данных,
- демонстрировать способность и готовность самостоятельно выбирать подходы и методы биоинформатики для решения конкретных научно-исследовательских и профессиональных задач, самостоятельно получать и анализировать информацию из банков нуклеотидных и полипептидных последовательностей, белковых структур, активно использовать биоинформационные интернет-ресурсы для анализа собственных результатов.

2. МЕСТО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ООП ВО

Дисциплина «Биоинформатика» относится к вариативной части рабочего учебного плана программы «Физика живых систем» по направлению 03.04.01 «Прикладные математика и физика».

Для успешного освоения дисциплины «Биоинформатика» необходимы компетенции, формируемые в результате освоения следующих дисциплин:

- Общая физика

- Химия
- Биофизика клетки/биохимия метаболизма

Изучение дисциплины выступает опорой для прохождения преддипломной практики.

3. ФОРМИРУЕМЫЕ КОМПЕТЕНЦИИ И ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ

Профессиональные компетенции в соответствии с задачами и объектами (областями знаний) профессиональной деятельности:

Задача профессиональной деятельности (ЗПД)	Объект или область знания	Код и наименование профессиональной компетенции	Код и наименование индикатора достижения профессиональной компетенции
проектный			

Организация выполнения проектов исследовательской и инновационной направленности в качестве исполнителя, ответственного за выполнение отдельного направления работ	Моделирование в биофизике: физиология человека на разных уровнях (молекулярном, клеточном, органном, целого организма), биохимия, качественные и количественные различия между нормальным и патологическим состоянием организма человека, методы математического моделирования и области их применения, компьютерные и программные средства моделирования, визуализации и описания исследования	ПК-18.2 Способен к проведению научных исследований в области медико-биологических дисциплин с использованием компьютерных средств и методов математического моделирования	З-ПК-18.2 Знать строение, основные закономерности развития и жизнедеятельности, функциональные системы организма человека, современные компьютерные технологии и их применение для обработки данных и реализации моделей, языки программирования, методы построения и исследования моделей физиологических систем У-ПК-18.2 Уметь использовать теоретические и экспериментальные данные в научно-исследовательской деятельности для построения математических и физических моделей изучаемых процессов с целью исследования свойств и поведения систем человеческого организма, применять компьютерные программные комплексы для поиска и интеллектуального
---	--	--	---

			анализа, визуализации данных, прогнозировать направление и результат физико-химических процессов, происходящих в клетках различных тканей организма человека В-ПК-18.2 Владеть навыками поиска и анализа публикаций в области научного исследования; проведения теоретических исследований с целью расширения научных знаний; анализа результатов медико-биологических исследований и определения сферы их применения; написания и публикации научных статей; разработки математических моделей функционирования органов и систем
--	--	--	---

4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ*

№ п/п	Наименование раздела /темы дисциплины	№ неде- ли	Виды учебной работы					
			Лекции	Практ. заня- тия/ семинары	Лаб. работы	СРС	Текущий контроль (форма)*	Макси- мальный балл (см. п. 5.3)
Семестр № 3								
1.	Название раз- дела							
1.1.	Введение в биоинформа- тику и инфор- мационную биологию	1	2	4		15		
1.2.	Интерпретация биологических данных	3	2	4		15	УО	
1.3	Сравнительная геномика	5	2	4		15	УО	
Рубежный контроль		6	Контр.					20
2.	Название раз- дела							
2.1.	Простран- ственная структура бел- ков	7, 9	4	8		15		
2.2.	Компьютерная протеомика	11	2	4		13	УО	
2.3	Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей	13	2	4		13	УО	

№ п/п	Наименование раздела /темы дисциплины	№ неде- ли	Виды учебной работы					Макси- мальный балл (см. п. 5.3)
			Лекции	Практ. заня- тия/ семинары	Лаб. работы	СРС	Текущий контроль (форма)*	
2.4	Высокопроиз- водительные вычисления в биоинформа- тике	15	2	4		10	УО	
Рубежный контроль		16	Контр.					25
Промежуточная стация		атте-	Экзамен				36	0 - 50
Посещаемость								5
Итого:								100

*Сокращение наименований форм текущего, рубежного и промежуточного контроля:

УО – устный опрос

Контр. – контрольная работа

4.2. Содержание дисциплины, структурированное по разделам (темам)

Лекционный курс

№	Наименование раздела /темы дисциплины	Содержание
1.	Название раздела 1.	
1.1.	Введение в биоинформа- тику и информационную биологию	Биологические объекты и их компьютерное представление. Ор- ганизация живых систем на молекулярном уровне. Основная догма молекулярной биологии. Предмет, задачи и объекты био- информатики. Новейшие достижения в области молекулярной биологии и генетики, вызвавшие необходимость развития био- информатики. Информационные технологии, нашедшие приме- нение в биоинформатике. Системный подход в биоинформати- ке.
1.2.	Интерпретация биоло- гических данных	Информационные технологии в биоинформатике. Базы данных и информационные системы в биоинформатике. Проблемы и

		методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике. Методы онтологического моделирования и обзор проектов по созданию онтологий в биоинформатике. Языки программирования в биоинформатике и программно-инструментальные средства. Методы интеграции приложений в биоинформатике. Технологии Pipe line & WorkFlow.
1.3.	Сравнительная геномика	Биоинформационные базы данных. Виды и поиск. Интегрированные базы данных. Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров. Алгоритмы сравнения. Выравнивание, локальное, глобальное. Множественное выравнивание. Филогенетический анализ. Проблемы филогении геномных последовательностей. Онтологии генов.
2.	Название раздела 2.	
2.1.	Пространственная структура белков	Методы предсказания пространственных структур белков. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул. Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.
2.2.	Компьютерная протеомика	Молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков; новая фармакология. Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций. Сравнение пространственных структур белков. Предсказание и моделирование пространственных структур белков.
2.3.	Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей	Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов. Алгоритмы многомерного анализа экспрессионных данных. Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей. Применение автоматического анализа текстов (Text-mining) для реконструкции ассоциативных генетических сетей.
2.4.	Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике	Современные методы микроскопии и компьютерного анализа изображений. Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике. GRID-системы.

Практические/семинарские занятия

№	Наименование раздела /темы дисциплины	Содержание
1.	Название раздела 1.	
1.1.	Введение в биоинформатику и информационную биологию	Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление. Организация геномов про - и эукариот. Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.
1.2.	Интерпретация биологических данных	Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. 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 изменения генной экспрессии) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
1.3.	Сравнительная геномика	Биоинформационные базы данных. Виды и поиск. Интегрированные базы данных. Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров. Алгоритмы сравнения. Выравнивание, локальное, глобальное. Множественное выравнивание. Филогенетический анализ. Проблемы филогении геномных последовательностей. Онтологии генов. Сравнение целых геномов. Предсказание функций генов и поиск структурных и функциональных особенностей геномов на основе сравнения многих геномов.
2.	Название раздела 2.	
2.1.	Пространственная структура белков	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 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Ме-

		тоды предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.
2.2.	Компьютерная протеомика	Методы анализа данных и текстовой информации в биологии. Алгоритмы анализа генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам. Алгоритмы структурной и функциональной аннотаций геномных последовательностей. Методы выравнивания последовательностей. Быстрый поиск последовательностей в банках данных. Алгоритмы BLAST, BLAT, SSAHA. Ассемблирование геномов. Программы PHRAP, TIGR Assembler.
2.3.	Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей	Представление и анализ сетевых моделей сложных биологических систем (генные сети, ассоциативные сети). Поиск и анализ циклов в сетях. Поиск и анализ структурных мотивов. Методы редукции сетевых моделей. Математическое моделирование динамики функционирования живых систем на различных иерархических уровнях их организации.
2.4.	Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике	Программное обеспечение для высокопроизводительных вычислений. Технологии распараллеливания программ с помощью библиотек MPI, OpenMP.

5. ОЦЕНОЧНЫЕ СРЕДСТВА ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ УСПЕВАЕМОСТИ, ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Фонд оценочных средств по дисциплине обеспечивает проверку освоения планируемых результатов обучения (компетенций и их индикаторов) посредством мероприятий текущего, рубежного и промежуточного контроля по дисциплине.

5.1. Паспорт фонда оценочных средств по дисциплине

Связь между формируемыми компетенциями и формами контроля их освоения представлена в следующей таблице:

Раздел	Темы занятий	Компетенция	Индикаторы освоения	Текущий контроль, неделя
Семестр 3				
Раздел 1	1.1. Введение в биоинформатику и информационную биологию	ПК-18.2	3-ПК-18.2, У-ПК-18.2, В-ПК-18.2	
	1.2. Интерпретация биологических данных			УО - 3
	1.3. Сравнительная геномика			УО - 5
Рубежный контроль		ПК-18.2	3-ПК-18.2, У-ПК-18.2, В-ПК-18.2	Контр -6
Раздел 2	2.1. Пространственная структура белков	ПК-18.2	3-ПК-18.2, У-ПК-18.2, В-ПК-18.2	
	2.2. Компьютерная протеомика			УО – 11
	2.3. Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей			УО – 13
	2.4. Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике			УО – 15
Рубежный контроль		ПК-18.2	3-ПК-18.2, У-ПК-18.2, В-ПК-18.2	Контр – 16
Промежуточная аттестация		ПК-18.2	3-ПК-18.2, У-ПК-18.2, В-ПК-18.2	Экзамен

5.2. Примерные контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков (или) опыта деятельности, характеризующие этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы

5.2.1. Оценочные средства для текущего контроля (УО)

1. Биологические объекты и их компьютерное представление.
2. Основная догма молекулярной биологии.
3. Предмет, задачи и объекты биоинформатики.
4. Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
5. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.

6. Базы данных и информационные системы в биоинформатике.
7. Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике.
8. Методы интеграции приложений в биоинформатике. Технологии Pipe line & WorkFlow
9. Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed.
10. Базы данных, модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов.
11. Основные биоинформатические базы данных. Геномные браузеры.
12. Биоинформационные базы данных. Виды и поиск.
13. Интегрированные базы данных.
14. Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров.
15. Алгоритмы сравнения. Выравнивание, локальное, глобальное. Множественное выравнивание.
16. Сравнение целых геномов.
17. Методы предсказания пространственных структур белков.
18. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул.
19. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул.
20. Молекулярная графика.
21. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка.
22. Структура PDB файла.
23. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.
24. Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков; новая фармакология.
25. Сравнение пространственных структур белков.
26. Методы анализа данных и текстовой информации в биологии.
27. Алгоритмы анализа генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам.
28. Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов.
29. Алгоритмы многомерного анализа экспрессионных данных.
30. Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей.
31. Методы редукции сетевых моделей.
32. Современные методы микроскопии и компьютерного анализа изображений. Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике.

5.2.2. Оценочные средства для рубежного контроля (вопросы для письменной контрольной работы)

1. Введение в биоинформатику и информационную биологию. Биологические объекты и их компьютерное представление. Организация живых систем на молекулярном уровне. Основная догма молекулярной биологии. Предмет, задачи и объекты биоинформатики.
2. Информационные технологии, нашедшие применение в биоинформатике. Системный подход в биоинформатике. Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
3. Организация геномов про - и эукариот. Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети
4. Базы данных и информационные системы в биоинформатике. Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике. Методы онтологического моделирования и обзор проектов по созданию онтологий в биоинформатике.
5. Сравнительная геномика. Биоинформационные базы данных. Виды и поиск. Интегрированные базы данных Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров. Алгоритмы сравнения.
6. Филогенетический анализ Проблемы филогении геномных последовательностей. Онтологии генов. Информационное содержание генетических последовательностей.
7. Распознавание участков скрытых периодичностей, повторов, участков статистической неоднородности. Распознавание предковых генов в первичных структурах молекул биополимеров и исследование их функциональности и эволюции.
8. Сравнение целых геномов Предсказание функций генов и поиск структурных и функциональных особенностей геномов на основе сравнения многих геномов.
9. Пространственная структура белков. Методы предсказания пространственных структур белков. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур.
10. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.

11. Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков; новая фармакология. Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций.
12. Методы анализа данных и текстовой информации в биологии. Алгоритмы анализа генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам.
13. Алгоритмы структурной и функциональной аннотаций геномных последовательностей. Методы выравнивания последовательностей.
14. Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов. Алгоритмы многомерного анализа экспрессионных данных. Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей.
15. Применение автоматического анализа текстов (Text-mining) для реконструкции ассоциативных генетических сетей. Представление и анализ сетевых моделей сложных биологических систем (генные сети, ассоциативные сети).
16. Поиск и анализ циклов в сетях. Поиск и анализ структурных мотивов. Методы редукции сетевых моделей. Математическое моделирование динамики функционирования живых систем на различных иерархических уровнях их организации.

5.2.3. Оценочные средства для промежуточной аттестации (примерные вопросы к экзамену)

1. Введение в биоинформатику и информационную биологию. Биологические объекты и их компьютерное представление. Организация живых систем на молекулярном уровне. Основная догма молекулярной биологии. Предмет, задачи и объекты биоинформатики.
2. Информационные технологии, нашедшие применение в биоинформатике. Системный подход в биоинформатике. Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
3. Организация геномов про - и эукариот. Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети
4. Базы данных и информационные системы в биоинформатике. Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике. Методы онтологического моделирования и обзор проектов по созданию онтологий в биоинформатике.
5. Языки программирования в биоинформатике и программно - инструментальные средства. Методы интеграции приложений в биоинформатике. Технологии Pipe line & WorkFlow

6. 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 изменения генной экспрессии) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных.
7. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
8. Сравнительная геномика. Биоинформационные базы данных. Виды и поиск. Интегрированные базы данных Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров. Алгоритмы сравнения.
9. Филогенетический анализ Проблемы филогении геномных последовательностей. Онтологии генов. Информационное содержание генетических последовательностей.
10. Распознавание участков скрытых периодичностей, повторов, участков статистической неоднородности. Распознавание предковых генов в первичных структурах молекул биополимеров и исследование их функциональности и эволюции.
11. Сравнение целых геномов Предсказание функций генов и поиск структурных и функциональных особенностей геномов на основе сравнения многих геномов.
12. Пространственная структура белков. Методы предсказания пространственных структур белков. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур.
13. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.
14. 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).
15. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.
16. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller

17. Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков; новая фармакология. Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций.
18. Методы анализа данных и текстовой информации в биологии. Алгоритмы анализа генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам.
19. Алгоритмы структурной и функциональной аннотаций геномных последовательностей. Методы выравнивания последовательностей.
20. Быстрый поиск последовательностей в банках данных. Алгоритмы BLAST, BLAT, SSAHA. Ассемблирование геномов. Программы PHRAP, TIGR Assembler.
21. Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов. Алгоритмы многомерного анализа экспрессионных данных. Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей.
22. Применение автоматического анализа текстов (Text-mining) для реконструкции ассоциативных генетических сетей. Представление и анализ сетевых моделей сложных биологических систем (генные сети, ассоциативные сети).
23. Поиск и анализ циклов в сетях. Поиск и анализ структурных мотивов. Методы редукции сетевых моделей. Математическое моделирование динамики функционирования живых систем на различных иерархических уровнях их организации.
24. Современные методы микроскопии и компьютерного анализа изображений. Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике. GRID-системы.
25. Программное обеспечение для высокопроизводительных вычислений. Технологии распараллеливания программ с помощью библиотек MPI, OpenMP.

5.3. Шкалы оценки образовательных достижений

Рейтинговая оценка знаний является интегральным показателем качества теоретических и практических знаний и навыков студентов по дисциплине и складывается из оценок, полученных в ходе текущего контроля и промежуточной аттестации.

Результаты текущего контроля и промежуточной аттестации подводятся по шкале балльно-рейтинговой системы.

Шкала каждого контрольного мероприятия лежит в пределах от 0 до установленного максимального балла включительно. Итоговая аттестация по дисциплине оценивается по 100-балльной шкале и представляет собой сумму баллов, заработанных студентом при выполнении заданий в рамках текущего и промежуточного контроля.

Итоговая оценка выставляется в соответствии со следующей шкалой:

Сумма баллов	Оценка по 4-ех балль-	Оценка	Требования к уровню освоению учебной
--------------	-----------------------	--------	--------------------------------------

	ной шкале	ECTS	дисциплины
90-100	5 – «отлично»	A	Оценка «отлично» выставляется студенту, если он глубоко и прочно усвоил программный материал, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, умеет тесно увязывать теорию с практикой, использует в ответе материал монографической литературы.
85-89	4 – «хорошо»	B	Оценка «хорошо» выставляется студенту, если он твёрдо знает материал, грамотно и по существу излагает его, не допуская существенных неточностей в ответе на вопрос.
75-84		C	
70-74		D	
65-69	3 – «удовлетворительно»	E	Оценка «удовлетворительно» выставляется студенту, если он имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала.
60-64			
Ниже 60	2 – «неудовлетворительно»	F	Оценка «неудовлетворительно» выставляется студенту, который не знает значительной части программного материала, допускает существенные ошибки. Как правило, оценка «неудовлетворительно» ставится студентам, которые не могут продолжить обучение без дополнительных занятий по соответствующей дисциплине.

6. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

ЛИТЕРАТУРА:

1. Ананько, Е.А. Введение в информационную биологию и биоинформатику: учебное пособие. Новосибирск : НГУ 2015.
2. Леск, А.М. Введение в биоинформатику. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2015.

3. Белькова, Н.Л. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике: учеб.-метод. пособие. в 3 ч. Ч. 2. Нуклеиновые кислоты. Иркутск: ИГУ, 2014.
4. Кирпичников, М.П. Методические разработки по реализации образовательных программ в области биоинженерии. М.: МГУ, 2007.
5. Огурцов, А.Н. Введение в биоинформатику. Х.: НТУ «ХПИ», 2011. – 400с.
6. Приставка, А. А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике: учеб.-метод. Пособие, в 3 ч. Иркутск: ИГУ, 2013.
7. Эллиот В. Биохимия и молекулярная биология. М.: МАИК, 2002.

7. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

При чтении лекционного материала используется электронное сопровождение курса: справочно-иллюстративный материал воспроизводится и озвучивается в аудитории с использованием проектора и переносного компьютера в реальном времени.

Рабочая программа дисциплины составлена в соответствии с ОС НИЯУ МИФИ (ФГОС) и учебным планом основной образовательной программы (программ).

Автор(ы): Докукина И.В., к. ф.-м.н., доцент кафедры высшей математики

Рецензент(ы):