

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Пекаревский Борис Владимирович
Должность: Проректор по учебной и методической работе
Дата подписания: 04.04.2025 13:49:35
Уникальный программный ключ:
3b89716a1076b80b2c167df0f27c09d01782ba84



МИНОБРНАУКИ РОССИИ
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«Санкт-Петербургский государственный технологический институт
(технический университет)»

УТВЕРЖДАЮ
Проректор по учебной
и методической работе
_____ Б.В.Пекаревский
«24» февраля 2025 г.

Рабочая программа дисциплины
БИОИНФОРМАТИКА

Направление подготовки

04.04.01 Химия

Направленность программы магистратуры
**Химия биологических систем, фармацевтических субстанций
и биологически активных соединений**

Квалификация

Магистр

Форма обучения

Очная

Факультет **химической и биотехнологии**
Кафедра **молекулярной биотехнологии**

Санкт-Петербург
2025

ЛИСТ СОГЛАСОВАНИЯ

Должность разработчика	Подпись	Ученое звание, фамилия, инициалы
Доцент		Сахабеев Р.Г.

Рабочая программа дисциплины «Биоинформатика» обсуждена на заседании кафедры молекулярной биотехнологии
протокол от «14» февраля 2025 № 10
Заведующий кафедрой

Д.О.Виноходов

Одобрено учебно-методической комиссией факультета химической и биотехнологии
протокол от «20» февраля 2025 № 7
Председатель

М.В.Рутто

СОГЛАСОВАНО

Руководитель направления подготовки «Химия»		С.Г.Изотова
Директор библиотеки		Т.Н.Старостенко
Начальник методического отдела учебно-методического управления		М.З.Труханович
Начальник учебно-методического управления		С.Н.Денисенко

СОДЕРЖАНИЕ

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы	04
2. Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы.....	06
3. Объем дисциплины	06
4. Содержание дисциплины	
4.1. Разделы дисциплины и виды занятий.....	07
4.2. Занятия лекционного типа.....	07
4.3. Занятия семинарского типа.....	10
4.3.1. Семинары, практические занятия	10
4.3.2. Лабораторные занятия.....	10
4.4. Самостоятельная работа.....	11
5. Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине	12
6. Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации.....	12
7. Перечень учебных изданий, необходимых для освоения дисциплины.....	12
8. Перечень электронных образовательных ресурсов, необходимых для освоения дисциплины.....	13
9. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины.....	13
10. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине	
10.1. Информационные технологии.....	14
10.2. Программное обеспечение.....	14
10.3. Базы данных и информационные справочные системы.....	14
11. Материально-техническое обеспечение освоения дисциплины в ходе реализации образовательной программы.....	14
12. Особенности освоения дисциплины инвалидами и лицами с ограниченными возможностями здоровья	14

Приложения: 1. Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации.

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы.

В результате освоения образовательной программы магистратуры обучающийся должен овладеть следующими результатами обучения по дисциплине:

Код и наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Планируемые результаты обучения (дескрипторы)
ОПК-3 Способен использовать вычислительные методы и адаптировать существующие программные продукты для решения задач профессиональной деятельности	ОПК-3.1 Способность решать задачи в области биологических систем, требующие анализа больших объемов данных с использованием современных программных продуктов для решения задач профессиональной деятельности	Знать: - основные программные продукты для решения задач в области биологических систем. Уметь: - пользоваться программными продуктами для решения задач в области биологических систем. Владеть: - методами обработки и оценки достоверности полученных экспериментальных данных.
ОПК-4 Способен готовить публикации, участвовать в профессиональных дискуссиях, представлять результаты профессиональной деятельности в виде научных и научно-популярных докладов	ОПК-4.1 Способность подготовки публикаций и презентаций по результатам профессиональной деятельности	Знать: - принципы работы с базами данных и биоинформационными ресурсами; - современные инструменты и программные пакеты для биоинформационного анализа, такие как MEGA 11, Unipro UGENE, UCSC Genome Browser и другие. Уметь: - анализировать большие объемы данных на языке программирования R, используя современные методы статистического анализа; - эффективно работать с базами данных и биоинформационными ресурсами; - интерпретировать результаты биоинформационного анализа и представлять их в форме отчетов и презентаций в среде R Markdown. Владеть: - навыками работы с командной строкой и интерфейсами командной оболочки Unix/Linux; - способностью самостоятельно искать и осваивать новые программные продукты и библиотеки для решения специфических задач в биоинформатике.

2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина «Биоинформатика» относится к обязательной части Блока 1 «Дисциплины (модули)» обязательной части образовательной программы магистратуры (Б1.О.05) и изучается на 1 курсе в 1 семестре.

В методическом плане дисциплина опирается на компетенций, сформированные при обучении в бакалавриате или специалитете. Полученные в процессе изучения дисциплины «Биоинформатика» знания, умения и навыки могут быть использованы при прохождении производственной практики, научно-исследовательской работы, а также при выполнении выпускной квалификационной работы магистра.

3. Объем дисциплины

Вид учебной работы	Всего, ЗЕ/академ. часов
Общая трудоемкость дисциплины (зачетных единиц/ академических часов)	4/ 144
Контактная работа с преподавателем:	66
занятия лекционного типа	32
занятия семинарского типа, в т.ч.	32
семинары, практические занятия (в том числе практическая подготовка)*	32
лабораторные работы (в том числе практическая подготовка)	-
курсовое проектирование (КР или КП)	-
КСР	2
другие виды контактной работы	-
Самостоятельная работа	51
Форма текущего контроля (Кр, реферат, РГР, эссе)	-
Форма промежуточной аттестации (КР, КП, зачет, экзамен)	Экзамен (27)

4. Содержание дисциплины.

4.1. Разделы дисциплины и виды занятий.

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Занятия лекционного типа, академ. часы	Занятия семинарского типа, академ. часы		Самостоятельная работа, академ. часы	Формируемые компетенции	Формируемые индикаторы
			Семинары и/или практические занятия	Лабораторные работы			
1.	Введение в геномную биоинформатику	8	8	-	12	ОПК-3	ОПК-3.1
2.	Новые области биологии, выделившиеся в результате реализации биоинформационного подхода	8	8	-	12	ОПК-3	ОПК-3.1
3.	Эволюция и молекулярная филогенетика	8	8	-	12	ОПК-3, ОПК-4	ОПК-3.1, ОПК-4.1
4.	Информационное обслуживание биотехнологических исследований	8	8	-	15	ОПК-3, ОПК-4	ОПК-3.1, ОПК-4.1

4.2. Занятия лекционного типа.

№ Раздела дисциплины	Наименование темы и краткое содержание занятия	Объем, академ. часы	Инновационная форма
1	<u>Введение в геномную биоинформатику.</u> Этапы развития биоинформатики. Задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими дисциплинами. Подходы к секвенированию генома человека. Виды секвенирования. Секвенирование по Сэнгеру. Технологии секвенирования 2-го поколения. Полупроводниковые секвенаторы (IonTorrent). Секвенирование синтезом (Illumina). Технологии секвенирования 3-го поколения. Нанопоровое секвенирование. Теоретическая основа сборки генома <i>de novo</i> .	8	Л

№ Раздела дисциплины	Наименование темы и краткое содержание занятия	Объем, акад. часы	Инновационная форма
2	<u>Новые области биологии, выделившиеся в результате реализации биоинформационного подхода.</u> Геномика. Протеомика. Транскриптомика. Функциональная геномика. Геногеография. Ресеквенирование геномов и транскриптомов. Количественный анализ экспрессии генов. Определение конформации ДНК или позиции протеинов на ДНК методами MNase-seq и DNase-seq. Поиск активных элементов генома.	8	Л
3	<u>Эволюция и молекулярная филогенетика.</u> Теория происхождения жизни. Молекулярная филогенетика. Типы дендрограмм. Выравнивание как основа биоинформационных алгоритмов. Базы данных. Построение филогенетических деревьев.	8	Л
4	<u>Информационное обслуживание биотехнологических исследований.</u> Анализ данных в R. Базы и банки данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Базы и банки данных топологии полинуклеотидов и белков. Архивные, курируемые, производные и интегрированные банки данных. Научная информация и ее источники. Виды научных документов. Иерархичность и рубрикация информации. Закон рассеяния и старение источников информации. Реферативные журналы. Библиографические базы и банки данных.	8	Л

4.3. Занятия семинарского типа.

4.3.1. Семинары, практические занятия.

№ раздела дисциплины	Наименование темы и краткое содержание занятия	Объем, акад. часы		Инновационная форма
		всего	в том числе на практическую подготовку*	
1	Стратегия сборки коротких ридов <i>de novo</i> . Программное обеспечение, используемое при сборке генома.	2	-	РД
1	Работа в программной среде банка данных NCBI SRA.	2	-	РД

№ раздела дисциплины	Наименование темы и краткое содержание занятия	Объем, акад. часы		Инновацион- ная форма
		всего	в том числе на практическую подготовку*	
1	Запуск программ для сборки генома и оценки качества собранного генома (MultiQC, Trimmomatic, MEGAHIT) в облачном сервисе Google Colaboratory.	4	-	КОП
2	Работа в программных средах банков данных RefSeq, Ensembl, Gencode. Применение алгоритмов выравнивания последовательностей. Применение алгоритма BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).	8	-	МГ
3	Работа в программной среде банка данных GenBank и Uniprot. Множественное выравнивание. Построение и анализ филогенетических деревьев с использованием программного обеспечения MEGA11 методом Bootstrap.	8	-	МГ
4	Алгоритмы хранения и обработки больших массивов биологической информации. Программное обеспечение, используемое при работе с биологическими данными.	4	-	РД
4	Интерпретация результатов биоинформационного анализа и представление их в форме отчетов и презентаций в среде R Markdown	4	2	МГ

4.3.2. Лабораторные работы

Учебным планом не предусмотрены.

4.4. Самостоятельная работа обучающихся.

№ раздела дисциплины	Перечень вопросов для самостоятельного изучения	Объем, акад. часы	Форма контроля
1	Информационный подход к исследованию биологических систем. Информационная ёмкость нерегулярных биополимеров. Биоинформационная составляющая репликативного процесса.	6	Ф
1	Графовый подход де Брейна при сборке коротких ридов <i>de novo</i> . Оценка качества геномных сборок. Скачивание ридов при помощи утилиты Fastq-Dump	6	Ф
2	Основные стадии пробоподготовки для секвенирования. Индексы и адаптеры. Сборка транскриптомов <i>de novo</i> . Меры качества сборки. Генетические заболевания. 16S-секвенирование. Секвенирование экзозема.	6	Ф
2	Работа в программных средах банков данных EMBL, SCOP и NCBI Entrez.	6	Ф
3	Сравнение и укоренение филогенетических деревьев. Программные продукты для оценки правдоподобия филогенетических деревьев. Построение филогенетических дендрограмм различными методами: Maximum Likelihood Tree, Neighbor-Joining Tree, Minimum-Evolution Tree, UPGMA Tree, Maximum Parsimony Tree.	4	Ф
3	Терминология генетики популяций и закон Харди-Вайнберга.	4	Ф
3	Гомология последовательностей и семейства генов. Маркерные гены.	4	Ф
4	Автоматизация рутинных задач в биоинформатике, используя командную оболочку Unix/Linux	8	Ф
4	Поиск информации в специализированных библиографических базах данных.	7	Ф

5. Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине.

Методические указания для обучающихся по организации самостоятельной работы по дисциплине, включая перечень тем самостоятельной работы, формы текущего контроля по дисциплине и требования к их выполнению размещены в электронной информационно-образовательной среде СПбГТИ(ТУ) на сайте: <https://media.spbti.ru>

6. Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации

Своевременное выполнение обучающимся мероприятий текущего контроля позволяет превысить (достигнуть) пороговый уровень («удовлетворительно») освоения предусмотренных элементов компетенций.

Результаты дисциплины считаются достигнутыми, если для всех элементов компетенций превышен (достигнут) пороговый уровень освоения компетенции на данном этапе.

Промежуточная аттестация по дисциплине проводится в форме экзамена.

К сдаче экзамена допускаются студенты, выполнившие все формы текущего контроля.

Экзамен предусматривают выборочную проверку освоения предусмотренных элементов компетенций

При сдаче экзамена, студент получает три вопроса из перечня вопросов, время подготовки студента к устному ответу - до 45 мин.

Пример варианта вопросов на экзамене:

Вариант № 1

- 1) Возможности информационных программ и алгоритмов для анализа последовательностей.
- 2) Принципы секвенирования ДНК, РНК, белков. Секвенирование по Сэнглеру
- 3) Сборка геномов из данных сиквенса. Проект «геном человека». Аннотация геномов. Генетические библиотеки.

Вариант № 2

- 1) Стандартные методы и алгоритмы предсказания вторичной структуры белков, понятие доменов в структуре белков.
- 2) Технологии секвенирования 2-го поколения. Полупроводниковые секвенаторы (IonTorrent). Секвенирование синтезом (Illumina).
- 3) Сравнительная геномика и протеомика. Филогенетические деревья.

Вариант № 3

- 1) Понятие о генетическом коде. Процесс транскрипции и трансляции, репликации и репарации.
- 2) Технологии секвенирования 3-го поколения. Нанопоровое секвенирование
- 3) Публичные базы данных (свободного доступа), форматы записей, программный инструментарий: NCBI, Uniprot, Ensembl, Gencode, PDB.

Вариант № 4

- 1) Подходы к секвенированию генома человека
- 2) Методы построения и проверки филогенетических деревьев.
- 3) Алгоритм действий при библиографическом поиске с использованием программного обеспечения.

Фонд оценочных средств по дисциплине представлен в Приложении № 1

Результаты освоения дисциплины считаются достигнутыми, если для всех элементов компетенций достигнут пороговый уровень освоения компетенции на данном этапе – оценка «удовлетворительно».

7. Перечень учебных изданий, необходимой для освоения дисциплин

а) печатные издания:

1) Льюин, Б. Гены / Б. Льюин; пер. 9-го англ. изд. И. А. Кофиади и др., под ред. Д. В. Ребрикова. - М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2011. - 896 с. - ISBN 978-5-94774-793-5

2) Леск, А. Введение в биоинформатику / А. Леск; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядаса. - М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - ISBN 978-5-94774-501-6.

3) Каменская, М.А. Информационная биология: Учебное пособие для вузов по напр. подготовки бакалавров и магистров 020200 "Биология" и биологическим спец./ М. А. Каменская; под ред. А. А. Каменского. - М.:Academia, 2006. - 368 с. - ISBN 5-7695-2580-0.

4) Трифонов, Р.Е. Моделирование структуры и свойств молекул методами молекулярной механики и молекулярной динамики: Учебное пособие / Р. Е. Трифонов, В. А. Островский ; СПбГТИ(ТУ). Каф. химии и технологии орган. соединений азота. - СПб. : Изд-во СПбГТИ(ТУ), 2011. - 51 с.

5) Сборка генома *de novo*: Учебное пособие / Р. Г. Сахабеев, А. В. Дмитриев, А. А. Передерий, Е. С. Князева, М. В. Рутто, Д. О. Виноходов ; СПбГТИ(ТУ). Каф. молекулярной биотехнологии. - СПб. : Изд-во СПбГТИ(ТУ), 2024. - 70 с.

6) Основы построения филогенетических деревьев: Учебное пособие / Р. Г. Сахабеев, А. В. Дмитриев, С. К. Бочковский, Е. С. Князева, М. В. Рутто, Д. О. Виноходов ; СПбГТИ(ТУ). Каф. молекулярной биотехнологии. - СПб. : Изд-во СПбГТИ(ТУ), 2024. - 32 с.

б) электронные издания:

1) Рудакова, Л.В. Информационные технологии в аналитическом контроле биологически активных веществ: Монография / Л. В. Рудакова, О. Б. Рудаков. - 3-е изд., стер. - Санкт-Петербург [и др.] : Лань, 2022. - ISBN 978-5-8114-1870-1 : // Лань : электронно-библиотечная система. - URL: <https://e.lanbook.com> (дата обращения: 15.04.2022). - Режим доступа: по подписке.

2) Часовских, Н. Ю. Биоинформатика : учебно-методическое пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, 2015. — 109 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/105971> (дата обращения: 19.02.2025). — Режим доступа: по подписке.

8. Перечень электронных образовательных ресурсов, необходимых для освоения дисциплины.

PubMed - архив литературы - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc>

База знаний по биологии человека - <http://humbio.ru/>

электронно-библиотечные системы:

«Электронный читальный зал – БиблиоТех» <https://technolog.bibliotech.ru/>;

«Лань» <https://e.lanbook.com/books/>.

9. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины.

Все виды занятий по дисциплине «Биоинформатика» проводятся в соответствии с требованиями следующих СТП:

СТП СПбГТИ 040-02. КС УКДВ. Виды учебных занятий. Лекция. Общие требования;

СТО СПбГТИ 018-2014. КС УКДВ. Виды учебных занятий. Семинары и практические занятия. Общие требования к организации и проведению.

СТП СПбГТИ 048-2009. КС УКДВ. Виды учебных занятий. Самостоятельная планируемая работа студентов. Общие требования к организации и проведению.

СТО СПбГТИ(ТУ) 016-2015. КС УКДВ. Порядок проведения зачетов и экзаменов.

Планирование времени, необходимого на изучение данной дисциплины, лучше всего осуществлять на весь семестр, предусматривая при этом регулярное повторение пройденного материала.

Основными условиями правильной организации учебного процесса для студентов является:

- плановость в организации учебной работы;
- серьезное отношение к изучению материала;
- постоянный самоконтроль.

На занятия студент должен приходить, имея знания по уже изученному материалу.

10. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине.

10.1. Информационные технологии.

В учебном процессе по данной дисциплине предусмотрено использование информационных технологий:

- чтение лекций с использованием слайд-презентаций;
- взаимодействие с обучающимися посредством ЭИОС.

10.2. Программное обеспечение

- 1) Microsoft Office (Microsoft Word, Excel, Power Point).
- 2) R — язык программирования для статистической обработки данных и работы с графикой, версия R-4.4.2.
- 3) RStudio — свободная среда разработки программного обеспечения с открытым исходным кодом для языка программирования R, версия 2024.12.0+467
- 4) MEGA11 – приложение для проведения филогенетического анализа, версия 12.
- 5) Unipro UGENE - графический интерфейс для работы с последовательностями, аннотациями, множественными выравниваниями, филогенетическими деревьями, данными секвенирования, версия 52.0
- 6) FastQC- программа для анализа качества и очистка чтений, версия 0.12.0

10.3. Базы данных и информационные справочные системы.

- 1) База данных нуклеотидных последовательностей NCBI (GENBANK) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
- 2) База данных белковых последовательностей UniProt <http://www.uniprot.org/>

11. Материально-техническое обеспечение освоения дисциплины в ходе реализации образовательной программы

Для ведения лекционных и практических занятий используется аудитория на 30 посадочных мест, оборудованная доской, демонстрационным экраном, проектором и компьютером.

Для проведения практических занятий используется научно-исследовательские

комнаты, оснащенные специализированной мебелью и оборудованием.

12. Особенности освоения дисциплины инвалидами и лицами с ограниченными возможностями здоровья.

Для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями учебные процесс осуществляется в соответствии с Положением об организации учебного процесса для обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья СПбГИ(ТУ), утвержденным ректором 28.08.2014.

**Фонд оценочных средств
для проведения промежуточной аттестации по
дисциплине «Биоинформатика»**

1. Перечень компетенций и этапов их формирования.

Индекс компетенции	Содержание	Этап формирования
ОПК-3	Способен использовать вычислительные методы и адаптировать существующие программные продукты для решения задач профессиональной деятельности	Начальный, промежуточный
ОПК-4	Способен готовить публикации, участвовать в профессиональных дискуссиях, представлять результаты профессиональной деятельности в виде научных и научно-популярных докладов	Начальный, промежуточный

2. Показатели и критерии оценивания компетенций на различных этапах их формирования, шкала оценивания

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Показатели сформированности (дескрипторы)	Критерий оценивания	Уровни сформированности (описание выраженности дескрипторов)		
			«удовлетворительно» (пороговый)	«хорошо» (средний)	«отлично» (высокий)
ОПК-3.1 Способность решать задачи в области биологических систем, требующие анализа больших объемов данных с использованием современных программных продуктов для решения задач профессиональной деятельности	Знает основные программные продукты для решения задач в области биологических систем	Правильные ответы на вопросы № 1 – 3 к экзамену	Слабо ориентируется в основных программных продуктах для решения биоинформационных задач, а именно: в обработке данных после секвенирования, сборке генома и транскриптома, выравнивании нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и молекулярном докинге.	Перечисляет с незначительными подсказками преподавателя основные программные продукты для решения биоинформационных задач, а именно: обработку данных после секвенирования, сборку генома и транскриптома, выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и молекулярный докинг.	Легко ориентируется в основных программных продуктах для решения биоинформационных задач, а именно: в обработке данных после секвенирования, сборке генома и транскриптома, выравнивании нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и молекулярном докинге.
	Умеет использовать программные продукты для решения задач в области биологических систем	Правильные ответы на вопросы № 4-6 к экзамену	Допускает ошибки в использовании программного обеспечения для сборки генома <i>de novo</i> из коротких прочтений. С помощью преподавателя способен использовать различные методы выравнивания нуклеотидных и белковых последовательностей.	Демонстрирует навыки использования программного обеспечения для сборки генома <i>de novo</i> из коротких прочтений, но допускает незначительные ошибки. С незначительной помощью преподавателя способен использовать различные методы выравнивания нуклеотидных и белковых последовательностей	Демонстрирует уверенные навыки использования программного обеспечения для сборки генома <i>de novo</i> из коротких прочтений. Использует различные методы выравнивания нуклеотидных и белковых последовательностей.
	Владеет методами обработки и оценки достоверности полученных экспериментальных данных	Правильные ответы на вопросы № 7-9 к экзамену	Слабо ориентируется в обработке и анализе экспериментальных биологических данных. С помощью преподавателя	Способен с небольшой помощью преподавателя обрабатывать и анализировать экспериментальные	Способен самостоятельно обрабатывать и анализировать экспериментальные

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Показатели сформированности (дескрипторы)	Критерий оценивания	Уровни сформированности (описание выраженности дескрипторов)		
			«удовлетворительно» (пороговый)	«хорошо» (средний)	«отлично» (высокий)
			способен применять язык программирования R и соответствующие пакеты	биологические данные, используя язык программирования R и соответствующие пакеты	биологические данные, используя язык программирования R и соответствующие пакеты
ОПК-4.1 Способность подготовки публикаций и презентаций по результатам профессиональной деятельности	Знает принципы работы с базами данных и биоинформационными ресурсами. Современные инструменты и программные пакеты для биоинформационного анализа, такие как MEGA 11, Unipro UGENE, UCSC Genome Browser, FastQC, QUAST и другие	Правильные ответы на вопросы № 10 – 12- к экзамену	Слабо ориентируется в основных базах биологических данных и принципах работы с ними. Слабо ориентируется в современных инструментах и программных пакетах для биоинформационного анализа, таких как MEGA 11 для построения филогенетических деревьев, Unipro UGENE для выравнивания последовательностей, UCSC Genome Browser для визуализации геномных данных.	Знает основные базы биологических данных и принципы работы с ними, но допускает 1-2 ошибки. С небольшими подсказками преподавателя ориентируется в современных инструментах и программных пакетах для биоинформационного анализа, таких как MEGA 11 для построения филогенетических деревьев, Unipro UGENE для выравнивания последовательностей, UCSC Genome Browser для визуализации геномных данных.	Знает основные базы биологических данных и принципы работы с ними. Легко ориентируется в современных инструментах и программных пакетах для биоинформационного анализа, таких как MEGA 11 для построения филогенетических деревьев, Unipro UGENE для выравнивания последовательностей, UCSC Genome Browser для визуализации геномных данных.
	Умеет анализировать большие объемы данных на языке программирования R, используя современные методы статистического анализа. Эффективно работать с базами данных и биоинформационными	Правильные ответы на вопросы № 13 – 15- к экзамену	Допускает ошибки в использовании языка программирования R при анализе больших объемов данных с применением современных статистических методов. Способен	Способен с незначительными подсказками преподавателя использовать язык программирования R при анализе больших объемов данных с применением современных	Демонстрирует уверенные навыки в использовании языка программирования R при анализе больших объемов данных с применением современных

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Показатели сформированности (дескрипторы)	Критерий оценивания	Уровни сформированности (описание выраженности дескрипторов)		
			«удовлетворительно» (пороговый)	«хорошо» (средний)	«отлично» (высокий)
	ресурсами. Интерпретировать результаты биоинформационного анализа и представлять их в форме отчетов и презентаций в среде R Markdown		интерпретировать результаты биоинформационного анализа и представлять их в форме отчетов и презентаций в среде R Markdown со значительной помощью преподавателя.	статистических методов. Способен интерпретировать результаты биоинформационного анализа и представлять их в форме отчетов и презентаций в среде R Markdown, но допускает 1-2 ошибки.	статистических методов. Способен самостоятельно интерпретировать результаты биоинформационного анализа и представлять их в форме отчетов и презентаций в среде R Markdown.
	Владеет навыками работы с командной строкой и интерфейсами командной оболочки Unix/Linux Способностью самостоятельно искать и осваивать новые программные продукты и библиотеки для решения специфических задач в биоинформатике	Правильные ответы на вопросы № 16 – 18- к экзамену	Слабо владеет навыками работы с командной строкой и интерфейсами командной оболочки Unix/Linux. Способен с помощью преподавателя искать и осваивать программные продукты, такие как дополнительные программные пакеты для анализа данных, используемые в среде R. Способен проводить поиск информации в специализированных библиографических базах данных, но допускает ошибки.	Владеет навыками работы с командной строкой и интерфейсами командной оболочки Unix/Linux, но допускает незначительные ошибки. Способен с незначительными подсказками преподавателя искать и осваивать программные продукты, такие как дополнительные программные пакеты для анализа данных, используемые в среде R. Способен проводить поиск информации в специализированных библиографических базах.	Уверенно владеет навыками работы с командной строкой и интерфейсами командной оболочки Unix/Linux. Способен самостоятельно искать и осваивать программные продукты, такие как дополнительные программные пакеты для анализа данных, используемые в среде R. Способен самостоятельно проводить поиск информации в специализированных библиографических базах данных.

3. Типовые контрольные задания для проведения промежуточной аттестации

а) Вопросы для оценки знаний, умений и навыков, сформированных у студента по компетенции ОПК-3:

1. Ассемблирование: описание программ-сборщиков, критерии их выбора и контроля качества сборки.
2. Программные методы поиска множественного выравнивания. Назначение и основные этапы при работе с программой ClustalW.
3. Методы предсказания третичной структуры белка: решеточная модель, фрагментарная сборка, гомологичный фолдинг, молекулярная динамика.
4. Стратегия сборки коротких ридов *de novo*. Графовый подход де Брейна.
5. Описание технологии секвенирования Illumina.
6. Пакеты информационных программ и алгоритмов для целей анализа полинуклеотидных и полипептидных последовательностей.
7. Основные виды биологических баз данных и виды информации.
8. Основные статистические методы в биологии для сравнения двух и более групп.
9. Методы автоматизации работы с информацией. Пакеты, каких биоинформационных программ вы знаете, в чем их особенности.

б) Вопросы для оценки знаний, умений и навыков, сформированных у студента по компетенции ОПК-4:

10. Работа в программной среде банка данных GenBank и Uniprot. Визуализация геномных данных.
11. Процедура построения филогенетических деревьев с использованием MEGA 11. Типы филогенетических деревьев.
12. Программные методы проверки филогенетических деревьев.
13. Алгоритмы хранения и обработки больших массивов биологической информации с использованием RStudio.
14. Работа с биологическими данными при помощи функций семейства `apply` и `dplyr`.
15. Использование языка разметки R Markdown для интерпретации результатов биоинформационного анализа и подготовки научных отчетов
16. Основные подходы к автоматизации рутинных задач в биоинформатике с использованием командной оболочки Unix/Linux.
17. Дополнительные программные пакеты, используемые в среде R. Визуализация данных. Синтаксис пакета `ggplot2`.
18. Основные этапы поиска информации в специализированных библиографических базах данных.

При сдаче экзамена, студент получает три вопроса из перечня, приведенного выше. Время подготовки студента к устному ответу на вопросы - до 30 мин.

4. Методические материалы для определения процедур оценивания знаний, умений и навыков, характеризующих этапы формирования компетенций.

Промежуточная аттестация по дисциплине проводится в соответствии с требованиями СПбГТИ(ТУ) 016-2015. КС УКДВ Порядок проведения зачетов и экзаменов.

По дисциплине промежуточная аттестация проводится в форме экзамена

Шкала оценивания балльная («отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно»).