

**Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«Московский физико-технический институт
(национальный исследовательский университет)»**

УТВЕРЖДЕНО

**Директор физтех-школы
прикладной математики и
информатики**

А.М. Райгородский

	Рабочая программа дисциплины (модуля)
по дисциплине:	Биоинформатика
по направлению:	Информатика и вычислительная техника
профиль подготовки:	Прикладная математика и информатика Физтех-школа Прикладной Математики и Информатики кафедра интеллектуальных систем
курс:	1
квалификация:	магистр

Семестр, формы промежуточной аттестации: 2 (весенний) - Дифференцированный зачет

Аудиторных часов: 30 всего, в том числе:

лекции: 15 час.

семинары: 15 час.

лабораторные занятия: 0 час.

Самостоятельная работа: 15 час.

Всего часов: 45, всего зач. ед.: 1

Программу составил: И.Ю. Торшин, канд. хим. наук

Программа обсуждена на заседании кафедры интеллектуальных систем 01.04.2024

Аннотация

Данный курс рассчитан на будущих специалистов в области математики и информатики. На примере задач из тесно взаимосвязанных областей биоинформатики, хемоинформатики и фармакоинформатики иллюстрируется, как математик мог бы вникать в специфику предметной области, чтобы адекватным образом приспособить известные ему методы для решения прикладных и исследовательских задач.

Задача лектора - наиболее полно отразить принципиально важные особенности рассматриваемых задач. Задача студента - выбрать наиболее интересную для себя задачу, сформулировать возможные подходы к её решению и предложить оптимальный вариант решения этой задачи.

1. Цели и задачи

Цель дисциплины

Изучение биологических процессов с помощью методов интеллектуального анализа данных.

Задачи дисциплины

- изучение слушателями математических и алгоритмических основ биоинформатики;
- на примере задач из области биоинформатики проиллюстрировать, как математик мог бы вникать в специфику предметной области, чтобы суметь адекватным образом приспособить известные ему методы для решения прикладных и исследовательских задач.

2. Перечень формируемых компетенций

Освоение дисциплины направлено на формирование следующих компетенций:

Код и наименование компетенции	Индикаторы достижения компетенции
ОПК-2 Имеет представление об актуальных проблемах науки и техники в области информатики и вычислительной техники, способен на научном языке формулировать профессиональные задачи	ОПК-2.1 Имеет представление о современном состоянии исследований в рамках тематической области своей профессиональной деятельности
	ОПК-2.2 Способен оценивать актуальность исследований в области информатики и вычислительной техники и их практическую значимость
	ОПК-2.3 Владеет профессиональной терминологией, используемой в современной научно-технической литературе, обладает навыками устного и письменного изложения результатов научной деятельности в рамках профессиональной коммуникации
ОПК-4 Способен успешно реализовывать решение поставленной задачи, провести анализ результата и представить выводы, применяя знания и навыки в области математики, естественных наук и информационно-коммуникационных технологий	ОПК-4.1 Способен применять знания и навыки по использованию информационно-коммуникационных технологий для поиска и изучения научной литературы, применения прикладных программных продуктов
	ОПК-4.2 Способен применять знание информационно-коммуникационных технологий для решения поставленной задачи, формулирования выводов и оценки полученных результатов
	ОПК-4.3 Способен аргументировано выбирать способ проведения научного исследования
	ОПК-4.4 Способен анализировать профессиональную информацию, выделять в ней главное, структурировать, оформлять и представлять в виде аналитических обзоров с обоснованными выводами и рекомендациями

3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю)

В результате освоения дисциплины обучающиеся должны

знать:

- основные математические методы решения задач биоинформатики;
- основы внутреннего строения и принципов работы живой клетки;
- области применения и особенности работы основных пакетов биоинформационных программ и алгоритмов;
- особенности хранения генетической информации в молекуле ДНК.

уметь:

- статистически анализировать достоверность получаемых результатов;
- извлекать и анализировать информацию из существующих публичных баз данных (NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB);
- применять на практике основные пакеты биоинформационных программ и алгоритмов;
- применять на практике стандартные методы и алгоритмы.

владеть:

навыками самостоятельной работы при решении типовых задач;
навыками разработки вычислительных алгоритмов для решения задач биоинформатики;
культурой постановки и моделирования практически значимых задач;
практикой исследования и решения теоретических и прикладных задач.

4. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий

4.1. Разделы дисциплины (модуля) и трудоемкости по видам учебных занятий

№	Тема (раздел) дисциплины	Трудоемкость по видам учебных занятий, включая самостоятельную работу, час.			
		Лекции	Семинары	Лаборат. работы	Самост. работа
1	Анализ текстов, использование баз данных. Биологика и алгоритмы.	2	2		5
2	Биологические данные, объекты и подходы к формализации задач. Задачи 1D→1D: сравнение символьных последовательностей.	1	1		5
3	Задачи 1Dб→1Dб . Разработка проблемно-ориентированной теории на примере задачи распознавания вторичной структуры.	2	2		
4	Задачи 1Dб→Ф и 3D→Ф и задача аннотации генома. Анализ и синтез биологических сетей.	2	2		
5	Задачи 1Dднк. Задачи 1Dднк и 3Dднк.	2	2		
6	Задачи 1Dрнк, 2Dрнк, 3Dрнк. Рентгено-структурный анализ и ЯМР белков, задачи 3Dб→3Dб и 3Dб→2Dб.	2	2		
7	Молекулярная фармакология и хемоинформатика. Молекулярная фармакология и хемоинформатика.	2	2		
8	Проблемная область - биология. От клеточной биологии к задачам распознавания.	2	2		5
Итого часов		15	15		15
Подготовка к экзамену		0 час.			
Общая трудоёмкость		45 час., 1 зач.ед.			

4.2. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам)

Семестр: 2 (Весенний)

1. Анализ текстов, использование баз данных. Биологика и алгоритмы.

Анализ текстовых строк, natural language processing. База данных PUBMED/MEDLINE.

Биомедицина.

- Нахождение надежных диагностических исследований.
- Извлечение информации о генетических ассоциациях.
- Выяснение диагноза по заключению врача.

Информатика («вычислительная лингвистика»).

- Контекст-зависимая расшифровка аббревиатур.
- Концептуализация абстрактов с использованием онтологий терминов.
- Установление значимости соотношений терминов.
- Установление функциональных взаимоотношений между белками и генами.

Замечание о научной этике.

Экспертный анализ.

О поиске новых принципов построения алгоритмов.

- Коллектив — индивид — коллектив.
- Нейроны и их реальные сети – избегая редукционизм.
- «Генетические алгоритмы» и генетика.
- Клетка и... идеальная экономика?
- Artificial life — living and artificial.
- Клетка и... теория электрических цепей?

2. Биологические данные, объекты и подходы к формализации задач. Задачи 1D→1D: сравнение символьных последовательностей.

Биологические данные, объекты и подходы к формализации задач

- Биологические объекты и их описания. Базы данных в биологии.
- Объемы данных и степень их интеграции (связности).
- Противоречивость множеств прецедентов.

Макромолекулы как текстовые строки. Базы данных GENBANK, TREMBL, UNIPROT.

- Экспериментальные методы секвенирования.
- Алгоритмы выравнивания и сравнения символьных последовательностей.
- Верификация данных из разных уровней иерархии клеточных процессов.
- Классификация последовательностей как подход к решению задач 1D→...

3. Задачи 1Dб→1Dб . Разработка проблемно-ориентированной теории на примере задачи распознавания вторичной структуры.

Анализ и классификация трехмерных структур биологических макромолекул. База данных PDB.

- Химическое строение молекул белка. Уровни структуры белка.
- Рентгеноструктурный анализ белков.
- Белковый ЯМР.
- Задачи 3D→3D.
- Задачи 3D→2D.
- стабильности белка.

Мета-задача перекодировки символьных последовательностей.

- Задачи 1Dб→2Dб.
- Задача 1Dб→2Dб как перевод символьных последовательностей. Постановка задачи, исходные данные.
- Основы комбинаторной теории разрешимости/регулярности.
- О задачах 1D→3D.

4. Задачи 1Dб→Ф и 3D→Ф и задача аннотации генома. Анализ и синтез биологических сетей.

Мета-задача классификации символьных последовательностей.

- Задачи $3D \rightarrow L$ и $3D \rightarrow F$: биофизический анализ структуры белка.
- Задача $1D \rightarrow L$ и о «случайных» последовательностях.
- $1D \rightarrow F$ — задача аннотации генома, основы проблемно-ориентированного формализма.

Молекулярная сеть-смешанный граф. Базы данных REACTOME, KYOTO.

- Молекулярные сети клетки.
- Функциональная геномика, задача синтеза сетей и... ловушки.
- Транскриптомика, протеомика, метаболомика.
- Исследования «стимул-отклик» в масштабе клетки.
- Задача поиска «биомаркеров» для медицинской диагностики.

5. Задачи $1D_{\text{днк}}$. Задачи $1D_{\text{днк}}$ и $3D_{\text{днк}}$.

Лексический анализ символьных последовательностей биомакромолекул.

- Что такое ген? От гена к белку.
- Эукариоты, прокариоты. Транскрипция, сплайсинг, деградация, трансляция.
- Задача распознавания гена. Промотор.
- Задача $1D_{\text{днк}} \rightarrow 1D_{\text{рнк}}$ (сайты сплайсинга, экзоны).
- Задача инициации транскрипции. Сайты факторов транскрипции.

Лексический анализ текстовых строк. Об анализе представительных наборов в задачах генетики

- Суперскручивание ДНК. Сайты нуклеосом.
- Структура генома: последовательность и ориентация генов.
- Репликация и рекомбинация ДНК. Сайты SNP. Регионы рекомбинации.
- Генетика и эпигенетика.
- CpG и сайты метилирования ДНК.

6. Задачи $1D_{\text{рнк}}$, $2D_{\text{рнк}}$, $3D_{\text{рнк}}$. Рентгено-структурный анализ и ЯМР белков, задачи $3D_b \rightarrow 3D_b$ и $3D_b \rightarrow 2D_b$.

Классификация символьных последовательностей. База данных PDB.

- ДНК и РНК. Распознавание классов РНК.
- Задача $1D_{\text{рнк}} \rightarrow 1D_b$: альтернативный сплайсинг.
- Задача $1D_{\text{рнк}} \rightarrow 2D_{\text{рнк}}$: вторичная структура РНК.
- Задачи $1D_{\text{рнк}}$, $2D_{\text{рнк}} \rightarrow 3D_{\text{рнк}}$.
- Задачи $1D_{\text{рнк}}$, $2D_{\text{рнк}} \rightarrow F_{\text{рнк}}$.

Анализ и классификация трехмерных структур биологических макромолекул. База данных PDB.

- Химическое строение молекул белка. Уровни структуры белка.
- Рентгеноструктурный анализ белков.
- Белковый ЯМР.
- Задачи $3D \rightarrow 3D$.
- Задачи $3D \rightarrow 2D$.

7. Молекулярная фармакология и хемоинформатика. Молекулярная фармакология и хемоинформатика.

Молекулы - связные графы, но... Базы данных PUBCHEM, PDB, CSD.

- Физико-химическое моделирование и хемоинформатика.
- Формула $\rightarrow 3D_l$.
- Задачи $3D_l \rightarrow 3D_l$.
- $3D_l \rightarrow$ физ.-хим. свойства.
- $3D_l \rightarrow$ белки-рецепторы. $3D_l \rightarrow$ константы взаимодействия.
- Хемоинформатика, задачи формула \rightarrow ...

Задачи классификации разнородных признаковых описаний. Базы данных NCBI (DBGAP).

Главная последовательность

- генетика→экспрессия,
- экспрессия→уровни/акт белков,
- генетика→уровни/акт белков,
- уровни белков→метаболиты,
- метаболиты→симптоматика,
- симптоматика→симптоматика,
- симптоматика→заболевание.

Генетика

- генетика→метаболиты,
- генетика→симптоматика,
- генетика→заболевание.

Поиск биомаркеров (пост-геномная диагностика):

- экспрессия→заболевание,
- уровни белков→заболевание,
- метаболиты→заболевание.

8. Проблемная область - биология. От клеточной биологии к задачам распознавания.

Проблемная область - биология

- Биология как проблемная область.
- О данных и методах из области биологии.
- Уровни биологических систем и уровни данных.
- Взаимосвязь различных задач интеллектуального анализа биологических данных, системы задач распознавания и классификации.

От клеточной биологии к задачам распознавания

- Клетка. Методы исследований клеток.
- Основные компоненты и процессы в клетках, их биологические роли и взаимодействия.
- ДНК. РНК. Аминокислоты и белки.
- Клеточная биология и система задач распознавания.

5. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Необходимое оборудование для занятий в аудитории: компьютер и мультимедийное оборудование (проектор, звуковая система).

6.Перечень рекомендуемой литературы

Основная литература

1. Torshin I.Yu. Sensing the change from molecular genetics to personalized medicine. Nova Biomedical Books, NY, USA, 2009, In “Bioinformatics in the Post-Genomic Era” series, ISBN 1-60692-217-0.
2. Torshin I.Yu. Bioinformatics in the post-genomic era: physiology and medicine. Nova Biomedical Books, NY, USA (2007), ISBN 1-60021-752-4.
3. Torshin I.Yu. Bioinformatics in the Post-Genomic Era: The Role of Biophysics, 2006, Nova Biomedical Books, NY, ISBN 1-60021-048-1.
4. Waterman M, Introduction to Computational Biology: Sequences, Maps and Genomes. CRC Press, 1995. ISBN 0-412-99391-0.

Дополнительная литература

1. Aluru, Srinivas, ed. Handbook of Computational Molecular Biology. Chapman & Hall/Crc, 2006. ISBN 1584884061 (Chapman & Hall/Crc Computer and Information Science Series).
2. Baldi, P and Brunak, S, Bioinformatics: The Machine Learning Approach, 2nd edition. MIT Press, 2001. ISBN 0-262-02506-X.
3. Dudoit S, van der Laan M. Multiple Testing Procedures with Applications to Genomics, 2007. Springer, ISBN 978-0-387-49316-9.
4. Baxevanis, A.D. and Ouellette, B.F.F., eds., Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, third edition. Wiley, 2005. ISBN 0-471-47878-4.
5. Durbin, R., S. Eddy, A. Krogh and G. Mitchison, Biological sequence analysis. Cambridge University Press, 1998. ISBN 0-521-62971-3.
6. Keedwell, E., Intelligent Bioinformatics: The Application of Artificial Intelligence Techniques to Bioinformatics Problems. Wiley, 2005. ISBN 0-470-02175-6.
7. Pachter, Lior and Sturmfels, Bernd. "Algebraic Statistics for Computational Biology" Cambridge University Press, 2005. ISBN 0-521-85700-7.

7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети "Интернет", необходимых для освоения дисциплины (модуля)

<http://www.machinelearning.ru/wiki/index.php>

8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень необходимого программного обеспечения и информационных справочных систем (при необходимости)

<http://www.machinelearning.ru/>

9. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

Студент, изучающий дисциплину, должен с одной стороны, овладеть общим понятийным аппаратом, а с другой стороны, должен научиться применять теоретические знания на практике. В результате изучения дисциплины студент должен знать основные определения, понятия, аксиомы, алгоритмы.

Успешное освоение курса требует напряжённой самостоятельной работы студента. В программе курса приведено минимально необходимое время для работы студента над темой. Самостоятельная работа включает в себя:

- чтение и конспектирование рекомендованной литературы,
- проработку учебного материала (по конспектам лекций, учебной и научной литературе), подготовку ответов на вопросы, предназначенных для самостоятельного изучения, доказательство отдельных утверждений, свойств;
- подготовку к дифференцированному зачету.

Руководство и контроль за самостоятельной работой студента осуществляется в форме индивидуальных консультаций.

Важно добиться понимания изучаемого материала, а не механического его запоминания. При затруднении изучения отдельных тем, вопросов, следует обращаться за консультациями к лектору.

ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ)

по направлению: Информатика и вычислительная техника
профиль подготовки: Прикладная математика и информатика
Физтех-школа Прикладной Математики и Информатики
кафедра интеллектуальных систем
курс: 1
квалификация: магистр

Семестр, формы промежуточной аттестации: 2 (весенний) - Дифференцированный зачет

Разработчик: И.Ю. Торшин, канд. хим. наук

1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины

Код и наименование компетенции	Индикаторы достижения компетенции
ОПК-2 Имеет представление об актуальных проблемах науки и техники в области информатики и вычислительной техники, способен на научном языке формулировать профессиональные задачи	ОПК-2.1 Имеет представление о современном состоянии исследований в рамках тематической области своей профессиональной деятельности
	ОПК-2.2 Способен оценивать актуальность исследований в области информатики и вычислительной техники и их практическую значимость
	ОПК-2.3 Владеет профессиональной терминологией, используемой в современной научно-технической литературе, обладает навыками устного и письменного изложения результатов научной деятельности в рамках профессиональной коммуникации
ОПК-4 Способен успешно реализовывать решение поставленной задачи, провести анализ результата и представить выводы, применяя знания и навыки в области математики, естественных наук и информационно-коммуникационных технологий	ОПК-4.1 Способен применять знания и навыки по использованию информационно-коммуникационных технологий для поиска и изучения научной литературы, применения прикладных программных продуктов
	ОПК-4.2 Способен применять знание информационно-коммуникационных технологий для решения поставленной задачи, формулирования выводов и оценки полученных результатов
	ОПК-4.3 Способен аргументировано выбирать способ проведения научного исследования
	ОПК-4.4 Способен анализировать профессиональную информацию, выделять в ней главное, структурировать, оформлять и представлять в виде аналитических обзоров с обоснованными выводами и рекомендациями

2. Показатели оценивания компетенций

В результате изучения дисциплины «Биоинформатика» обучающийся должен:

знать:

- основные математические методы решения задач биоинформатики;
- основы внутреннего строения и принципов работы живой клетки;
- области применения и особенности работы основных пакетов биоинформационных программ и алгоритмов;
- особенности хранения генетической информации в молекуле ДНК.

уметь:

- статистически анализировать достоверность получаемых результатов;
- извлекать и анализировать информацию из существующих публичных баз данных (NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB);
- применять на практике основные пакеты биоинформационных программ и алгоритмов;
- применять на практике стандартные методы и алгоритмы.

владеть:

- навыками самостоятельной работы при решении типовых задач;
- навыками разработки вычислительных алгоритмов для решения задач биоинформатики;
- культурой постановки и моделирования практически значимых задач;
- практикой исследования и решения теоретических и прикладных задач.

3. Перечень типовых (примерных) вопросов, заданий, тем для подготовки к текущему контролю

С целью контроля освоения обучающимися учебного материала проводится устный опрос в начале занятия по теме прошлой лекции или в конце занятия по пройденной теме.

4. Перечень типовых (примерных) вопросов и тем для проведения промежуточной аттестации обучающихся

Промежуточная аттестация по дисциплине осуществляется в форме дифференцированного зачета, проводимого в устной форме.

Перечень контрольных вопросов для сдачи дифференцированного зачета в 10-ом семестре:

1. Проблемная область - биология.
 - Биология как проблемная область.
 - О данных и методах из области биологии.
 - Уровни биологических систем и уровни данных.
 - Взаимосвязь различных задач интеллектуального анализа биологических данных, системы задач распознавания и классификации.
2. От клеточной биологии к задачам распознавания.
 - Клетка. Методы исследований клеток.
 - Основные компоненты и процессы в клетках, их биологические роли и взаимодействия.
 - ДНК. РНК. Аминокислоты и белки.
 - Клеточная биология и система задач распознавания.
3. Биологические данные, объекты и подходы к формализации задач.
 - Биологические объекты и их описания. Базы данных в биологии.
 - Объемы данных и степень их интеграции (связности).
 - Противоречивость множеств прецедентов.
4. Макромолекулы как текстовые строки. Базы данных GENBANK, TREMBL, UNIPROT.
 - Экспериментальные методы секвенирования.
 - Алгоритмы выравнивания и сравнения символьных последовательностей.
 - Верификация данных из разных уровней иерархии клеточных процессов.
 - Классификация последовательностей как подход к решению задач 1D→...
5. Лексический анализ символьных последовательностей биомacroмолекул.
 - Что такое ген? От гена к белку.
 - Эукариоты, прокариоты. Транскрипция, сплайсинг, деградация, трансляция.
 - Задача распознавания гена. Промотор.
 - Задача 1Днк→1Дрнк (сайты сплайсинга, экзоны).
 - Задача инициации транскрипции. Сайты факторов транскрипции.
6. Лексический анализ текстовых строк. Об анализе представительных наборов в задачах генетики.
 - Суперскручивание ДНК. Сайты нуклеосом.
 - Структура генома: последовательность и ориентация генов.
 - Репликация и рекомбинация ДНК. Сайты SNP. Регионы рекомбинации.
 - Генетика и эпигенетика.
 - CpG и сайты метилирования ДНК.
7. Классификация символьных последовательностей. База данных PDB.
 - ДНК и РНК. Распознавание классов РНК.
 - Задача 1Дрнк→1Дб: альтернативный сплайсинг.
 - Задача 1Дрнк→2Дрнк: вторичная структура РНК.
 - Задачи 1Дрнк, 2Дрнк →3Дрнк.
 - Задачи 1Дрнк, 2Дрнк →Фрнк.
8. Анализ и классификация трехмерных структур биологических макромолекул. База данных PDB.
 - Химическое строение молекул белка. Уровни структуры белка.
 - Рентгеноструктурный анализ белков.
 - Белковый ЯМР.
 - Задачи 3D→3D.
 - Задачи 3D→2D.
9. Лексический анализ символьных последовательностей. Базы данных NCBI.
 - Распознавание сигнальных пептидов.
 - Трансмембранные спирали. Разбиение на домены. Пост-трансляционные модификации.

- Установление функциональных сайтов и «функционально-значимых участков».
 - О 1D детерминантах стабильности белка.
10. Мета-задача перекодировки символьных последовательностей.
- Задачи 1Dб→2Dб.
 - Задача 1Dб→2Dб как перевод символьных последовательностей. Постановка задачи, исходные данные.
 - Основы комбинаторной теории разрешимости/регулярности.
 - О задачах 1D→3D.
11. Мета-задача классификации символьных последовательностей.
- Задачи 3D→Л и 3D→Ф: биофизический анализ структуры белка.
 - Задача 1D→Л и о «случайных» последовательностях.
 - 1D→Ф — задача аннотации генома, основы проблемно-ориентированного формализма.
12. Молекулярная сеть-смешанный граф. Базы данных REACTOME, KYOTO.
- Молекулярные сети клетки.
 - Функциональная геномика, задача синтеза сетей и... ловушки.
 - Транскриптомика, протеомика, метаболомика.
 - Исследования «стимул-отклик» в масштабе клетки.
 - Задача поиска «биомаркеров» для медицинской диагностики.
13. Молекулы - связные графы, но... Базы данных PUBCHEM, PDB, CSD.
- Физико-химическое моделирование и хемоинформатика.
 - Формула→3Дл.
 - Задачи 3Дл→3Дл.
 - 3Дл→физ.-хим. свойства.
 - 3Дл→белки-рецепторы. 3Дл→константы взаимодействия.
 - Хемоинформатика, задачи формула→...
14. Задачи классификации разнородных признаков описаний. Базы данных NCBI (DBGAP).
- Главная последовательность
 - о генетика→экспрессия,
 - Генетика
 - Поиск биомаркеров (пост-геномная диагностика):
15. Анализ текстовых строк, natural language processing. База данных PUBMED/MEDLINE.
- Биомедицина.
 - Информатика («вычислительная лингвистика»).
 - Экспертный анализ.
16. Биологика и алгоритмы: О поиске новых принципов построения алгоритмов.

Критерии оценивания

Оценка отлично 10 баллов - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины, проявляющему интерес к данной предметной области, продемонстрировавшему умение уверенно и творчески применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.

Оценка отлично 9 баллов - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины и умение уверенно применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.

Оценка отлично 8 баллов - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины и умение уверенно применять их на практике при решении конкретных задач, правильное обоснование принятых решений, с некоторыми недочетами.

Оценка хорошо 7 баллов - выставляется студенту, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но недостаточно грамотно обосновывает полученные результаты.

Оценка хорошо 6 баллов - выставляется студенту, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но допускает в ответе или в решении задач некоторые неточности.

Оценка хорошо 5 баллов - выставляется студенту, если он в основном знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но допускает в ответе или в решении задач достаточно большое количество неточностей.

Оценка удовлетворительно 4 балла - выставляется студенту, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, недостаточно правильные формулировки базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, но при этом он освоил основные разделы учебной программы, необходимые для дальнейшего обучения, и может применять полученные знания по образцу в стандартной ситуации.

Оценка удовлетворительно 3 балла - выставляется студенту, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, допускающему ошибки в формулировках базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, слабо владеет основными разделами учебной программы, необходимыми для дальнейшего обучения и с трудом применяет полученные знания даже в стандартной ситуации.

Оценка неудовлетворительно 2 балла - выставляется студенту, который не знает большей части основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубые ошибки в формулировках основных принципов и не умеет использовать полученные знания при решении типовых задач.

Оценка неудовлетворительно 1 балл - выставляется студенту, который не знает основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубейшие ошибки в формулировках базовых понятий дисциплины и вообще не имеет навыков решения типовых практических задач.

5. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности

Во время проведения дифференцированного зачета обучающиеся могут пользоваться программой дисциплины, а также справочной литературой, вычислительной техникой, конспектами лекций.

Дифференцированный зачет может проводиться по итогам текущей успеваемости и сдачи заданий, или путем организации специального опроса, проводимого в устной форме.