

**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**

	<b>Рабочая программа дисциплины (модуля)</b>
<b>по дисциплине:</b>	Биоинформатика
<b>по направлению:</b>	Информатика и вычислительная техника
<b>профиль подготовки:</b>	Прикладная математика и информатика Физтех-школа Прикладной Математики и Информатики кафедра интеллектуальных систем
<b>курс:</b>	1
<b>квалификация:</b>	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, деграция, 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 признаков 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)**

<b>по направлению:</b>	Информатика и вычислительная техника
<b>профиль подготовки:</b>	Прикладная математика и информатика Физтех-школа Прикладной Математики и Информатики кафедра интеллектуальных систем
<b>курс:</b>	<u>1</u>
<b>квалификация:</b>	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  $1D \rightarrow \dots$
5. Лексический анализ символьных последовательностей биомacroмолекул.
  - 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.
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  $1D_{\text{рнк}} \rightarrow 1D_{\text{б}}$ : 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  $1D_{\text{рнк}}, 2D_{\text{рнк}} \rightarrow \Phi_{\text{рнк}}$ .
8. Анализ и классификация трехмерных структур биологических макромолекул. База данных PDB.
  - Химическое строение молекул белка. Уровни структуры белка.
  - Рентгеноструктурный анализ белков.
  - Белковый ЯМР.
  - Задачи  $3D \rightarrow 3D$ .
  - Задачи  $3D \rightarrow 2D$ .
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.