



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ –
МСХА имени К.А. ТИМИРЯЗЕВА»
(ФГБОУ ВО РГАУ - МСХА имени К.А. Тимирязева)

Институт агrobiотехнологии
Кафедра биотехнологии

УТВЕРЖДАЮ:

Проректор по науке
и инновационному развитию



А.В. Журавлев

« 30 » августа 2023 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)
МАТЕМАТИЧЕСКАЯ БИОЛОГИЯ, БИОИНФОРМАТИКА**

Программа подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре
МАТЕМАТИЧЕСКАЯ БИОЛОГИЯ, БИОИНФОРМАТИКА

Научная специальность: **1.5.8. Математическая биология, биоинформатика**

Отрасль наук биологические

Год обучения – 2

Семестр обучения – 4

Москва, 2023

Содержание

АННОТАЦИЯ	5
1. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ДИСЦИПЛИНЫ.....	6
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ПРОГРАММЫ АСПИРАНТУРЫ.....	6
3. ОБЩАЯ ТРУДОЕМКОСТЬ ДИСЦИПЛИНЫ.....	7
4. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....	7
5. ВХОДНЫЕ ТРЕБОВАНИЯ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ, ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ УСЛОВИЯ.....	8
6. ФОРМАТ ОБУЧЕНИЯ.....	8
7. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ, ВИДЫ УЧЕБНЫХ ЗАНЯТИЙ И ФОРМЫ ИХ ПРОВЕДЕНИЯ.....	8
7.1 Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ.....	9
7.2 Содержание дисциплины.....	9
7.3 Образовательные технологии.....	12
8. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ АСПИРАНТОВ ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....	12
8.1 Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины.....	12
9. ФОРМА ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ И ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ.....	14
10. РЕСУРСНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ.....	20
10.1 Перечень основной литературы.....	20
10.2 Перечень дополнительной литературы.....	20
10.3 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»...	21
10.4 Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса.....	21
10.5 Описание материально-технической базы.....	21
10.5.1 Требования к аудиториям.....	21
10.5.2 Требования к специализированному оборудованию.....	22
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ АСПИРАНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ.....	22
12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....	22

АННОТАЦИЯ

Учебная дисциплина «Математическая биология, биоинформатика» является важной составной частью Учебного плана подготовки аспирантов по научной специальности 1.5.8 – Математическая биология, биоинформатика, программе аспирантуры «Математическая биология, биоинформатика».

Основная задача учебной дисциплины – освоение аспирантами теоретических и практических знаний в области математической биологии и биоинформатики. Дисциплина «Математическая биология, биоинформатика» в системе биологических наук изучает математические и логические основы системной биологии и ее технологическую платформу – биоинформатику. Излагаются вопросы о биологической информации, биологических последовательностях, молекулярной эволюции, математических моделях биологических объектов и процессов. Аспиранты получают представление о биологических объектах как системах, базах данных биологических объектов и процессов, веб-ресурсах и веб-инструментах хранения, аннотирования, визуализации и интерпретации биоинформатических данных. Рассматриваются вопросы эволюции биологических последовательностей и организмов, систематизации биологических и биоинформационных данных.

Общая трудоемкость учебной дисциплины «Математическая биология, биоинформатика» составляет 3 зачетных ед., в объеме 108 часов.

Контроль знаний аспирантов проводится в форме текущей и промежуточной аттестации.

Текущая аттестация аспирантов – оценка знаний и умений – проводится постоянно на практических занятиях с помощью устного опроса, оценки самостоятельной работы аспирантов.

Промежуточная аттестация аспирантов проводится в форме итогового контроля по дисциплине – кандидатского экзамена.

Ведущие преподаватели: Чередниченко М.Ю., канд. биол. наук, доцент; Хлебникова Д.А., канд. биол. наук, старший преподаватель

1. Цель и задачи дисциплины

Целью изучения дисциплины «Математическая биология, биоинформатика» является освоение аспирантами теоретических и практических знаний, приобретение умений и навыков в области математической биологии, биоинформатики, познания принципов организации живой материи, понятий биологической информации, системного подхода к изучению биологических объектов и процессов.

Основная задача учебной дисциплины – освоение аспирантами теоретических и практических знаний в области математической биологии и биоинформатики. Дисциплина «Математическая биология, биоинформатика» в системе биологических наук изучает математические и логические основы системной биологии и ее технологическую платформу – биоинформатику. Излагаются вопросы о биологической информации, биологических последовательностях, молекулярной эволюции, математических моделях биологических объектов и процессов. Аспиранты получают представление о биологических объектах как системах, базах данных биологических объектов и процессов, веб-ресурсах и веб-инструментах хранения, аннотирования, визуализации и интерпретации биоинформатических данных. Рассматриваются вопросы эволюции биологических последовательностей и организмов, систематизации биологических и биоинформационных данных.

2. Место дисциплины в структуре программы подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре (далее программа аспирантуры)

Дисциплина «Математическая биология, биоинформатика» входит в образовательный компонент Структуры программы аспирантуры. Дисциплина «Математическая биология, биоинформатика» направлена на подготовку к сдаче кандидатского экзамена по Специальной дисциплине «Математическая биология, биоинформатика» по научной специальности 1.5.8 - Математическая биология, биоинформатика, соответствует требованиям программы подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре, Учебному плану по программе аспирантуры, решению учебно-методической комиссии и Ученого совета института, отечественному и зарубежному опыту, учитывать следующие знания научных разделов: математическая биология, биоинформатика.

Предшествующими курсами в магистратуре и специалитете, на которых непосредственно базируется дисциплина являются: «Системная биология», «Методологические основы исследований в биотехнологии», «Биоинформатика».

Особенностью дисциплины «Математическая биология, биоинформатика» является теоретическая и практическая направленность. Аспирантам в области математической биологии, биоинформатики необходимо знать и уметь пользоваться математическими и биоинформатическими инструментами. Это предполагает знания принципов и методов математического моделирования, методологического подхода к экспериментальной работе, биоинформатики.

3. Общая трудоемкость дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 зачетных единиц, 108 часов, из которых 28 часов составляет контактная работа аспиранта с преподавателем (14 часов занятия лекционного типа, 14 часов занятия семинарского типа), 79 часов составляет самостоятельная работа аспиранта.

4. Планируемые результаты обучения по дисциплине, соотнесенные с планируемыми результатами освоения программы аспирантуры

Планируемый результат освоения дисциплины: приобретение способности к проведению исследований и анализу современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики.

Контроль знаний аспирантов проводится в форме текущей и промежуточной аттестации.

Текущая аттестация аспирантов – оценка знаний и умений проводится постоянно на практических занятиях с помощью устного опроса, оценки самостоятельной работы аспирантов.

Промежуточная аттестация аспирантов проводится в форме итогового контроля по дисциплине – кандидатского экзамена.

Таблица 1 – Планируемые результаты обучения по дисциплине «Математическая биология, биоинформатика», соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы аспирантуры

№ п/п	Результат освоения дисциплины	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
		знать	уметь	владеть
1	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области математической биологии и био-	принципы проведения исследований и анализа современных научных положений в области математической биологии и биоинфор-	проводить исследования и анализ современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики	Навыками методологии науки, методологии биотехнологического эксперимента, работы с биоинформатическими ресурсами и базами данных

	информатики	матики		
--	-------------	--------	--	--

5. Входные требования для освоения дисциплины, предварительные условия

Курс предполагает наличие у аспирантов знаний и умений по молекулярной биологии, клеточной и генной инженерии, системной биологии, биоинформатике.

6. Формат обучения

Обучающиеся из числа лиц с ограниченными возможностями здоровья обеспечиваются электронными и (или) печатными образовательными ресурсами в формах, адаптированных к ограничениям их здоровья.

7. Содержание дисциплины, виды учебных занятий и формы их проведения.

7.1. Распределение трудоемкости дисциплины по видам работ

Общая трудоёмкость дисциплины составляет 3 зач.ед. (108 часа), их распределение по видам работ представлено в таблице 2.

Таблица 2 – Распределение трудоемкости дисциплины по видам работ

Вид учебной работы	Трудоемкость	
	зач. ед.	час.
Общая трудоемкость дисциплины по учебному плану	3	108
Аудиторные занятия	0,78	28
Лекции (Л)	0,39	14
Семинарские занятия (СЗ)	0,39	14
Самостоятельная работа (СРА)	2,19	79
в том числе:		
самоподготовка к текущему контролю знаний	2,19	79
Вид контроля:	0,03	1
	кандидатский экзамен	

7.2. Содержание дисциплины

Таблица 3 – Тематический план дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплин	Всего, час.	Контактная работа, час.			Самостоятельная работа, час.
		Лекция	СЗ	Контроль	
Введение	5	2	-	-	3
Раздел I. Последовательности в пространстве	26	6	8	-	12
Тема 1. Оптимальное парное выравнивание	6	2	2	-	2
Тема 2. Биологические последовательности и задача поиска точных вхождений строк	4	-	2	-	2
Тема 3. Быстрое выравнивание: сравнение геномов и поиск в базах данных	4	2	-	-	2
Тема 4. Множественное выравнивание последовательностей	4	-	2	-	2
Тема 5. Профили последовательностей и скрытые марковские модели	4	2	-	-	2
Тема 6. Предсказание генов	4	-	2	-	2
Раздел II. Последовательности во времени	40	6	6	-	28
Тема 7. Филогения	10	2	2	-	6
Тема 8. Изменчивость последовательностей и молекулярная эволюция	8	-	2	-	6
Тема 9. Гены в популяциях: проспективный анализ	8	2	-	-	6
Тема 10. Гены в популяциях: ретроспективный анализ	7	-	2	-	5
Тема 11. Проверка эволюционных гипотез	7	2	-	-	5
Подготовка к кандидатскому экзамену	36	-	-	-	36
Контактная работа в период аттестации	1	-	-	1	-
Итого по дисциплине	108	14	14	1	79

Содержание дисциплины Лекционные занятия

Введение

Чтение и запись. Последовательности в пространстве. Последовательности во времени.

Раздел I. Последовательности в пространстве

Тема 1. Оптимальное парное выравнивание

Что такое выравнивание? Биологическая интерпретация проблемы выравнивания. Выравнивания с оценкой качества. Матрицы замен аминокислот: Матрицы PAM. Матрицы BLOSUM. Сравнение PAM и BLOSUM. Применение матриц замен. Число возможных выравниваний. Глобальное выравнивание. Секвенирование методом «дробовика» и выравнивание перекрывающихся последовательностей. Локальное выравнивание. Адаптация алгоритма для аффинной модели пробелов. Максимизирующие и минимизирующие схемы оценивания. Пример применения глобального, локального и перекрывающегося выравниваний.

Тема 3. Быстрое выравнивание: сравнение геномов и поиск в базах данных

Глобальное выравнивание. Локальное выравнивание: Глобальное/локальное выравнивание: совпадения с ошибками. Примеры программ поиска в базах данных. Состав базы данных. Эвристические и оптимальные методы построения выравнивания. Приложение: выявление генных семейств. Статистика локальных выравниваний: Наибольший вес локальных выравниваний. Выбор матрицы аминокислотных замен. Битовый вес.

Тема 5. Профили последовательностей и скрытые марковские модели

Анализ с использованием профилей. Скрытые марковские модели. Профильные скрытые марковские модели.

Раздел II. Последовательности во времени

Тема 7. Филогения

А было ли дерево? - Статистическая геометрия. Теория отображений правдоподобия. Число возможных филогении. Методы, основанные на расстояниях: Кластеризация методом средней связи. Метод объединения соседей. Метод максимальной экономии. Метод максимального правдоподобия. Поиск в пространстве деревьев: Обмен ближайшими соседями. Подрезка и прививка поддеревьев. Метод ветвей и границ. Оценка значимости филогении с помощью бутстрепа.

Тема 9. Гены в популяциях: проспективный анализ

Полиморфизм и генетическое разнообразие. Теория нейтральной эволюции. Проспективное моделирование эволюции. Нейтральная модель Райта-Фишера: Фиксация и утрата аллелей. Закон Харди-Вайнберга. Вероятность

фиксации и время фиксации. Утрата генетического разнообразия. Добавление в модель мутаций: Модель конечного числа аллелей. Модель бесконечного числа аллелей. Модель бесконечного числа сайтов. Равновесие между дрейфом и мутациями: Скорость фиксации. Число аллелей. Генетическое разнообразие. Выборки аллелей из популяций: Формула Эвенса для выборок. Применение. Отбор.

Тема 11. Проверка эволюционных гипотез

Тест Хадсона-Крейтмана-Агуаде (НКА). Тест Тадзимы. Тест Фу и Ли. Тест Макдональда-Крейтмана. Минимальное число рекомбинационных событий. Выявление неравновесия по сцеплению. Программная реализация.

Содержание семинарских занятий по дисциплине и контрольных мероприятий

№ п/п	Наименование разделов и тем дисциплины (укрупнено)	№ и название семинарских занятий	Вид контрольного мероприятия	Количество академических часов
Раздел I. Последовательности в пространстве				8
1	Тема 1. Оптимальное парное выравнивание	Семинарское занятие № 1 «Оптимальное парное выравнивание»	опрос по теме	2
2	Тема 2. Биологические последовательности и задача поиска точных вхождений строк	Семинарское занятие № 2 «Биологические последовательности и задача поиска точных вхождений строк»	опрос по теме	2
3	Тема 4. Множественное выравнивание последовательностей	Семинарское занятие № 3 «Множественное выравнивание последовательностей»	опрос по теме	2
4	Тема 6. Предсказание генов	Семинарское занятие № 4 «Предсказание генов»	опрос по теме	2
Раздел II. Последовательности во времени				6
5	Тема 7. Филогения	Семинарское занятие № 5 «Филогения»	опрос по теме	2
6	Тема 8. Изменчивость последовательностей и молекулярная эволюция	Семинарское занятие № 6 «Изменчивость последовательностей и молекулярная эволюция»	опрос по теме	2
7	Тема 10. Гены в популяциях: ретроспективный анализ	Семинарское занятие № 7 «Гены в популяциях: ретроспективный	опрос по теме	2

		анализ»	
Итого по дисциплине			14

7.3. Образовательные технологии

Общее количество часов аудиторных занятий, проведённых с применением активных и интерактивных образовательных технологий составляет 6 часов (21,4 % от общей аудиторной трудоемкости дисциплины).

Таблица 4 – Активные и интерактивные формы проведения занятий

№ п/п	Тема и форма занятия		Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий	Кол-во часов
1	Тема 3. Быстрое выравнивание: сравнение геномов и поиск в базах данных	Л	лекция-дискуссия	2
2	Тема 2. Биологические последовательности и задача поиска точных вхождений строк	СЗ	мозговой штурм	2
3	Тема 9. Гены в популяциях: перспективный анализ	СЗ	мозговой штурм	2
Всего				6

8. Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы аспирантов по дисциплине:

8.1. Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины «Математическая биология, биоинформатика»

Таблица 5 – Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	Кол-во часов
1.	Введение	Последовательности в пространстве. Последовательности во времени.	3
Раздел I. Последовательности в пространстве			12
2.	Тема 1. Оптимальное парное выравнивание	Глобальное выравнивание. Секвенирование методом «дробовика» и выравнивание перекрывающихся последовательностей. Локальное выравнивание. Адаптация алгоритма для аффинной модели пробелов. Максимизирующие и минимизирующие схемы оценивания. Пример применения глобального, локального и перекрывающегося выравниваний.	2
3.	Тема 2. Биологические последовательности и задача поиска точных	Точные и неточные совпадения строк. Наивное сравнение строк. Поиск строки за линейное время. Деревья. Сравнение множества образцов с текстом с помощью деревьев ключевых слов.	2

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	Кол-во часов
	вхождений строк	Суффиксные деревья. Построение суффиксных деревьев. Суффиксные массивы. Повторяющиеся последовательности в геномике – парадокс С-значений. Выявление повторяющихся и уникальных подстрок. Максимальные повторы. Обобщенное суффиксное дерево. Задача поиска наибольшей общей подстроки. fe-несовпадения.	
4.	Тема 3. Быстрое выравнивание: сравнение геномов и поиск в базах данных	Эвристические и оптимальные методы построения выравнивания. Приложение: выявление генных семейств. Статистика локальных выравниваний: Наибольший вес локальных выравниваний. Выбор матрицы аминокислотных замен. Битовый вес.	2
5.	Тема 4. Множественное выравнивание последовательностей	Оценивание множественных выравниваний. Построение множественного выравнивания методом динамического программирования. Эвристическое множественное выравнивание.	2
6.	Тема 5. Профили последовательностей и скрытые марковские модели	Профильные скрытые марковские модели.	2
7.	Тема 6. Предсказание генов	Что такое ген? Поиск генов вычислительными методами. Меры точности предсказания генов. Методы предсказаний ab initio: поиск сигналов и анализ: Использование кодонов. Поиск сайтов сплайсинга с помощью профиля последовательностей. Сцепление экзонов. Сравнительные методы: Общие замечания. Предсказание генов в локусе Adh сравнительными методами. Проблемы и перспективы.	2
	Раздел II. Последовательности во времени		28
8.	Тема 7. Филогения	Поиск в пространстве деревьев: Обмен ближайшими соседями. Подрезка и прививка поддеревьев. Метод ветвей и границ. Оценка значимости филогении с помощью бутстрепа.	6
9.	Тема 8. Изменчивость последовательностей и молекулярная эволюция	Летопись прошлых событий. Мутации и замены. Молекулярные часы. Явные модели молекулярной эволюции. Оценка скорости эволюции. Кодирующие последовательности: синонимичные и несинонимичные замены. Замены в глобиновых последовательностях. Применение Ka/Ks-теста: Ген речи? Отбор в геноме человека.	6

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	Кол-во часов
10.	Тема 9. Гены в популяциях: проспективный анализ	Добавление в модель мутаций: Модель конечного числа аллелей. Модель бесконечного числа аллелей. Модель бесконечного числа сайтов. Равновесие между дрейфом и мутациями: Скорость фиксации. Число аллелей. Генетическое разнообразие. Выборки аллелей из популяций: Формула Эвенса для выборок. Применение. Отбор.	6
11.	Тема 10. Гены в популяциях: ретро-спективный анализ	Генеалогии особей и генеалогии генов. Проспективный и ретроспективный подходы. Коалесцент. Коалесцентные и филогенетические деревья. Модель бесконечного числа сайтов и число SNP. Математические свойства нейтрального коалесцента: Глубина дерева, размер дерева и число сегрегирующих сайтов. Гетерозиготность. Распределение сегрегирующих сайтов. Пример моделирования. Рекомбинация. Отбор. Сочетание рекомбинации и отбора.	5
12.	Тема 11. Проверка эволюционных гипотез	Минимальное число рекомбинационных событий. Выявление неравновесия по сцеплению. Программная реализация.	5
	Подготовка к кандидатскому экзамену		36
	ВСЕГО		79

9. Форма промежуточной аттестации и оценочные материалы, включающие:

Паспорт оценочного средства

№ п/п	Контролируемые модули, разделы (темы) дисциплины	Контролируемый результат освоения дисциплины или его часть	Оценочные средства		Способ контроля
			Наименование	№ задания	
1.	Тема 1. Оптимальное парное выравнивание	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области парного выравнивания	Вопросы к семинарскому занятию	1-11	Устный опрос
2.	Тема 2. Биологические последовательности и задача поиска	Способность к проведению исследований и анализу современных научных	Вопросы к семинарскому занятию	1-14	Устный опрос

	точных вхождений строк	положений в области анализа биологических последовательностей и задач поиска точных вхождений строк			
3.	Тема 4. Множественное выравнивание последовательностей	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области множественного выравнивания последовательностей	Вопросы к семинарскому занятию	1-3	Устный опрос
4.	Тема 6. Предсказание генов	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области предсказания генов	Вопросы к семинарскому занятию	1-6	Устный опрос
5.	Тема 7. Филогения	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области филогении	Вопросы к семинарскому занятию	1-8	Устный опрос
6.	Тема 8. Изменчивость последовательностей и молекулярная эволюция	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области изменчивости последовательностей и молекулярной эволюции	Вопросы к семинарскому занятию	1-8	Устный опрос
7.	Тема 10. Гены в популяциях: ретроспективный анализ	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области ретроспективного анализа генов в популяциях	Вопросы к семинарскому занятию	1-10	Устный опрос

Показатели и критерии определения уровня сформированности результата освоения дисциплины

№ п/п	Результат освоения дисциплины или его часть	Уровень сформированности результата освоения дисциплины		
		Пороговый	Достаточный	Повышенный
	Способность к проведению исследований и анализу современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики	<p>Знать: общие, но не структурированные знания принципов проведения исследований и анализа современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики</p> <p>Уметь: в целом успешно, но не систематически самостоятельно проводить исследования и анализ современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики</p> <p>Владеть: в целом успешное, но не систематическое применение навыков методологии науки, методологии биотехнологического эксперимента, работы с биоинформатическими ресурсами и базами данных</p>	<p>Знать: сформированные, но содержащие отдельные пробелы знания общих принципов проведения исследований и анализа современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики</p> <p>Уметь: в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы умение самостоятельного проведения исследования и анализа современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики</p> <p>Владеть: в целом успешное, но содержащее отдельные пробелы применение навыков методологии науки, методологии биотехнологического эксперимента, работы с биоинформатическими ресурсами и базами данных</p>	<p>Знать: сформированные систематические знания принципов проведения исследований и анализа современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики</p> <p>Уметь: сформированное умение самостоятельно проводить исследования и анализ современных научных положений в области математической биологии и биоинформатики</p> <p>Владеть: Успешное и систематическое применение навыков методологии науки, методологии биотехнологического эксперимента, работы с биоинформатическими ресурсами и базами данных</p>

Контрольные задания и иные материалы оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующие этапы формирования результата освоения дисциплины «Математическая биология, биоинформатика»

Вопросы к семинарским занятиям:

Семинарское занятие № 1 «Оптимальное парное выравнивание»

1. Что такое выравнивание?
2. Биологическая интерпретация проблемы выравнивания
3. Выравнивания с оценкой качества
4. Матрицы замен аминокислот: Матрицы PAM. Матрицы BLOSUM. Сравнение PAM и BLOSUM. Применение матриц замен.
5. Число возможных выравниваний
6. Глобальное выравнивание
7. Секвенирование методом «дробовика» и выравнивание перекрывающихся последовательностей
8. Локальное выравнивание
9. Адаптация алгоритма для аффинной модели пробелов
10. Максимизирующие и минимизирующие схемы оценивания
11. Пример применения глобального, локального и перекрывающегося выравниваний

Семинарское занятие № 2 «Биологические последовательности и задача поиска точных вхождений строк»

1. Точные и неточные совпадения строк
2. Наивное сравнение строк
3. Поиск строки за линейное время
4. Деревья
5. Сравнение множества образцов с текстом с помощью деревьев ключевых слов
6. Суффиксные деревья
7. Построение суффиксных деревьев
8. Суффиксные массивы
9. Повторяющиеся последовательности в геномике – парадокс С-значений
10. Выявление повторяющихся и уникальных подстрок
11. Максимальные повторы
12. Обобщенное суффиксное дерево
13. Задача поиска наибольшей общей подстроки
14. fe-несовпадения

Семинарское занятие № 3 «Множественное выравнивание последовательностей»

1. Оценивание множественных выравниваний
2. Построение множественного выравнивания методом динамического программирования
3. Эвристическое множественное выравнивание

Семинарское занятие № 4 «Предсказание генов»

1. Что такое ген?
2. Поиск генов вычислительными методами
3. Меры точности предсказания генов
4. Методы предсказаний *ab initio*: поиск сигналов и анализ: Использование кодонов. Поиск сайтов сплайсинга с помощью профиля последовательностей. Сцепление экзонов.
5. Сравнительные методы: Общие замечания. Предсказание генов в локусе *Adh* сравнительными методами.
6. Проблемы и перспективы.

Семинарское занятие № 5 «Филогения»

1. А было ли дерево? - Статистическая геометрия
2. Теория отображений правдоподобия
3. Число возможных филогении
4. Методы, основанные на расстояниях: Кластеризация методом средней связи. Метод объединения соседей
5. Метод максимальной экономии
6. Метод максимального правдоподобия
7. Поиск в пространстве деревьев: Обмен ближайшими соседями. Подрезка и прививка поддеревьев. Метод ветвей и границ
8. Оценка значимости филогении с помощью бутстрепа

Семинарское занятие № 6 «Изменчивость последовательностей и молекулярная эволюция»

1. Летопись прошлых событий
2. Мутации и замены
3. Молекулярные часы
4. Явные модели молекулярной эволюции
5. Оценка скорости эволюции
6. Кодирующие последовательности: синонимичные и несинонимичные замены
7. Замены в глобиновых последовательностях

8. Применение Ka/Ks -теста: Ген речи? Отбор в геноме человека

Семинарское занятие № 7 «Гены в популяциях: ретроспективный анализ»

1. Генеалогии особей и генеалогии генов
2. Проспективный и ретроспективный подходы
3. Коалесцент
4. Коалесцентные и филогенетические деревья
5. Модель бесконечного числа сайтов и число SNP
6. Математические свойства нейтрального коалесцента: Глубина дерева, размер дерева и число сегрегирующих сайтов. Гетерозиготность. Распределение сегрегирующих сайтов
7. Пример моделирования
8. Рекомбинация
9. Отбор
10. Сочетание рекомбинации и отбора

- Примерный перечень вопросов к кандидатскому экзамену представлен в Программе кандидатского экзамена, принятой на Ученом совете института и утвержденной профильным проректором.

- Методические материалы, определяющие процедуру оценивания результатов обучения.

Таблица 6 – Критерии оценивания ответа аспиранта в ходе кандидатского экзамена

Оценка	Критерий
«ОТЛИЧНО»	оценку «отлично» заслуживает аспирант, освоивший знания, умения, компетенции и теоретический материал без пробелов; выполнивший все задания, предусмотренные учебным планом на высоком качественном уровне.
«ХОРОШО»	оценку «хорошо» заслуживает аспирант, практически полностью освоивший знания, умения, компетенции и теоретический материал, учебные задания не оценены максимальным числом баллов.
«УДОВЛЕТВОРИТЕЛЬНО»	оценку «удовлетворительно» заслуживает аспирант, частично с пробелами освоивший знания, умения, компетенции и теоретический материал, многие учебные задания либо не выполнил, либо они оценены числом баллов близким к минимальному.
«НЕУДОВЛЕТВОРИТЕЛЬНО»	оценку «неудовлетворительно» заслуживает аспирант, не освоивший знания, умения, компетенции и теоретический материал, учебные задания не выполнил.

10. Ресурсное обеспечение:

10.1 Перечень основной литературы

1. Калашникова, Е.А. Основы биотехнологии / Е.А. Калашникова, М.Ю. Чередниченко, Р.Н. Киракосян. 2-е изд., испр. и доп. М.: КНОРУС, 2022. 278 с.
2. Смиряев А.В., Панкина Л.К. Основы биоинформатики: Учебное пособие. – М.: ФГОУ ВПО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 2008. – 102 с.

10.2 Перечень дополнительной литературы

1. Биотехнология: теория и практика (учебное пособие) / Н.В. Загоскина, Л.В. Назаренко, Е.А. Калашникова, Е.А. Живухина: Под ред. Н.В. Загоскиной. М.: Из-во Оникс, 2009. 496 с.
2. Боголюбов Д. С. Регуляторные механизмы экспрессии генома: учебно-методическое пособие / Д. С. Боголюбов, В. М. Седова, И. М. Спивак. СПб.: Изд-во Политехн. ун-та, 2011. 241 с.
3. Браун Т.А. Геномы / Т.А. Браун. Пер. с англ. М.-Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2011. 944 с.
4. Дейнеко Е.В. Генетическая инженерия растений / Е.В. Дейнеко // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2014. Т. 18, № 1. С. 125-137.
5. Лутова, Л.А. Биотехнология высших растений / Л.А. Лутова. – СПб.: С.-Пб университет, 2003. 228 с.
6. Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений / под ред. Вл.В. Кузнецова, В.В. Кузнецова, Г.А. Романова. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2011. – 487 с.:илл. – (Методы в биологии)
7. Патрушев Л.И. Искусственные генетические системы. Т.1: Генная и белковая инженерия / Л.И. Патрушев; Ин-т биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН. Отв. ред. А.И. Мирошников. М.: Наука, 2004. 526 с.
8. Рыбчин В.Н. Основы генетической инженерии. 2-е изд., перераб. и доп.: Учебник для вузов. СПб.: Изд-во СПбГТУ, 1999. 522 с.
9. Щелкунов С.Н. Генетическая инженерия: Учеб.-справ. пособие. / С.Н. Щелкунов. – 2 изд., испр. и доп. – Новосибирск: Сиб. унив. изд-во, 2004. 486 с.; илл.
10. Xiong J. Essential bioinformatics / Jin Xiong. – Cambridge University Press, 2006. – 362 p.

10.3 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - National Center of Biotechnology Information (открытый доступ)
2. <https://www.embl.org/> - European Molecular Biology laboratory (открытый доступ)
3. <https://www.uniprot.org/> - UniProt (открытый доступ)
4. <http://www.insdc.org/> - International Nucleotide Sequence Database Collaboration (открытый доступ)

10.4 Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса, включая программное обеспечение, информационные справочные системы (при необходимости):

1. MEGA <https://www.megasoftware.net/> (открытый доступ)
2. BLAST <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (открытый доступ)
3. EMBOSS needle https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/ (открытый доступ)
4. EMBOSS water https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_water/ (открытый доступ)
5. Clustal Omega <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/> (открытый доступ)

10.5 Описание материально-технической базы

Для реализации программы подготовки по дисциплине «Математическая биология, биоинформатика» перечень материально-технического обеспечения включает:

1. персональные компьютеры с доступом к сети «Интернет»
2. библиотечный фонд по тематике дисциплины

Кафедра располагает следующими учебными приборами и инструментами: 15 персональных компьютеров с доступом к сети «Интернет».

10.5.1 Требования к аудиториям (помещениям, местам) для проведения занятий

Для проведения теоретических занятий по дисциплине «Математическая биология, биоинформатика» необходимы:

1. лекционная аудитория должна быть оснащена стандартной мебелью (столы, стулья), а также мультимедийной установкой.
2. аудитории для семинарских занятий должны быть оснащены стандартной мебелью (столы, стулья), а также мультимедийной установкой.
3. аудитории для самостоятельной работы должны быть оснащены ком-

пьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации

10.5.2 Требования к специализированному оборудованию

Проведение занятий осуществляется в аудиториях, оборудованных компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации.

11. Методические рекомендации аспирантам по освоению дисциплины

Для успешного усвоения каждой из тем дисциплины «Математическая биология, биоинформатика» аспирант должен внимательно прослушать и законспектировать лекцию по конкретной теме, подготовиться к семинарскому занятию, ответить на вопросы преподавателя на семинарском занятии.

Для конспектирования лекций рекомендуется завести отдельную тетрадь из 96 листов. Конспект каждой лекции следует начинать с названия темы лекции и указания даты ее проведения. Все заголовки разделов лекции следует четко выделять, например, подчеркиванием. Во время лекции следует внимательно следить за ходом мысли лектора и записывать важнейшие определения, разъяснения, формулы, термины. Также нужно стараться воспроизводить в конспекте рисунки и таблицы, которые демонстрирует лектор. При самостоятельной работе аспиранта с конспектом лекций следует осуществлять самопроверку, то есть следить за тем, чтобы освоенным оказался весь материал, изложенный в лекции. Материал, который кажется аспиранту недостаточно понятным, следует проработать по учебнику и воспользоваться помощью преподавателя на консультациях. Работать с конспектом лекций следует еженедельно, внося в него свои дополнения, замечания и вопросы (для этого в тетради следует оставлять широкие поля).

12. Методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине

Главная задача дисциплины «Математическая биология, биоинформатика» - сформировать у аспирантов целостное представление о принципах и методах анализа биологических последовательностей и использования результатов анализа в практической научной деятельности.


При преподавании дисциплины необходимо ориентироваться на современные образовательные и информационные технологии. Необходимо проводить устный опрос аспирантов и контролировать выполнение заданий. Контрольные вопросы выдаются аспирантам по разделам и темам непосредственно

перед их изучением. Акцент делается на активные методы обучения на практических занятиях и интерактивной форме обучения.

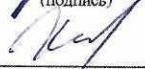
Авторы рабочей программы:

к.б.н., доцент Чередниченко М.Ю.

к.б.н. Хлебникова Д.А.



(подпись)



(подпись)