

**Санкт-Петербургский государственный университет**

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА  
УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ**

Введение в биоинформатику (спец курс), тр 6 сем  
Introduction to Bioinformatics

**Язык(и) обучения**

русский

Трудоемкость в зачетных единицах: 3

Регистрационный номер рабочей программы: 051695

## **Раздел 1. Характеристики учебных занятий**

### **1.1. Цели и задачи учебных занятий**

Сообщение сведений о современной биоинформатике в объеме, необходимом для общего развития и изучения смежных алгоритмических дисциплин. Усвоение основных идей и алгоритмов биоинформатики.

### **1.2. Требования подготовленности обучающегося к освоению содержания учебных занятий (пререквизиты)**

Владение материалом курсов «Основы теории алгоритмов» и «Основы теории вероятностей».

### **1.3. Перечень результатов обучения (learning outcomes)**

Обучающийся должен овладеть теоретическим материалом в объеме, предусмотренном программой, уметь применять полученные знания при разработке алгоритмов решения задач вычислительной геномики и вычислительной масс-спектрометрии.

### **1.4. Перечень и объём активных и интерактивных форм учебных занятий**

Промежуточная аттестация (экзамен) 4 часа.

## Раздел 2. Организация, структура и содержание учебных занятий

### 2.1. Организация учебных занятий

#### 2.1.1 Основной курс

Трудоёмкость, объёмы учебной работы и наполняемость групп обучающихся																	
Код модуля в составе дисциплины, практики и т.п.	Контактная работа обучающихся с преподавателем											Самостоятельная работа				Объём активных и интерактивных форм учебных занятий	Трудоёмкость
	лекции	Семинары	консультации	практические занятия	лабораторные работы	контрольные работы	коллоквиумы	текущий контроль	промежуточная аттестация	итоговая аттестация	под руководством преподавателя	в присутствии преподавателя	сам. раб. с использованием методических материалов	текущий контроль (сам.раб.)	промежуточная аттестация (сам.раб.)		
<b>ОСНОВНАЯ ТРАЕКТОРИЯ</b>																	
<b>очная форма обучения</b>																	
Семестр 5	32		2					2				38		28		4	3
	2-50		2-50					2-50				1-1		1-1			
ИТОГО	32		2					2				38		28		4	3

Виды, формы и сроки текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации						
Код модуля в составе дисциплины, практики и т.п.	Формы текущего контроля успеваемости		Виды промежуточной аттестации		Виды итоговой аттестации (только для программ итоговой аттестации и дополнительных образовательных программ)	
	Формы	Сроки	Виды	Сроки	Виды	Сроки
<b>ОСНОВНАЯ ТРАЕКТОРИЯ</b>						
<b>очная форма обучения</b>						
Семестр 6			экзамен, устно, традиционная форма	по графику промежуточной аттестации, по графику промежуточной аттестации		

## 2.2. Структура и содержание учебных занятий

Период обучения (модуль): Семестр 6

№ п/п	Наименование темы (раздела, части)	Вид учебных занятий	Количество часов
1	Биоинформатика: первое знакомство	Лекции	4
		практические занятия в присутствии преподавателя по методическим материалам	6
		Лекции	14
		практические занятия в присутствии преподавателя по методическим материалам	24
2	Вычислительная геномика	Лекции	12
		практические занятия в присутствии преподавателя по методическим материалам	18
		промежуточная аттестация (ауд)	2
		промежуточная аттестация (с.р.)	28

### Раздел 1: Биоинформатика: первое знакомство

1. Введение в молекулярную биологию.
2. Структура ДНК.
3. Белковые структуры.
4. Основные направления исследований в современной биоинформатике.

### Раздел 2: Вычислительная геномика

1. Точное совпадение строк. Алгоритм Бойера-Мура. Алгоритм Кнута-Морриса-Пратта.
2. Алгоритмы выравнивания последовательностей.
3. Суффиксные деревья.
4. Методы сборки генома
5. Поиск в базе данных для последовательностей. BLAST.
6. Скрытые марковские модели в биоинформатике.

### Раздел 3: Вычислительная масс-спектрометрия

1. Масс-спектрометрия белков и пептидов: основные принципы.
2. Идентификация белков и пептидов методом поиска в базе данных.

3. *De novo* секвенирование белков и пептидов.
4. Количественная протеомика.

### **Раздел 3. Обеспечение учебных занятий**

#### **3.1. Методическое обеспечение**

##### **3.1.1 Методические указания по освоению дисциплины**

Посещение лекций

##### **3.1.2 Методическое обеспечение самостоятельной работы**

Основная и дополнительная литература

##### **3.1.3 Методика проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации и критерии оценивания**

###### **Методика проведения экзамена**

Экзамен проводится в устной форме. Билет состоит из двух вопросов и задачи. Время подготовки ответа на вопросы билета составляет 60 минут.

Использование конспектов и учебников, а также электронных устройств хранения, обработки или передачи информации при подготовке и ответе на вопросы экзамена категорически запрещено. В случае обнаружения факта использования недозволённых материалов (устройств) составляется акт, и студент удаляется с экзамена. После ответа на вопросы билета преподаватель задаёт несколько дополнительных вопросов, на основании оценки ответов на которые итоговая оценка по предмету может быть повышена или понижена.

###### **Критерии выставления оценок**

Оценка «отлично» ставится за полностью раскрытый теоретический материал, правильно решённую задачу и правильные ответы на дополнительные вопросы преподавателя. В болонской шкале оценка может быть скорректирована в ту или иную сторону с учётом малозначительных погрешностей изложения или, напротив, углублённого изложения материала.

Оценка «хорошо» ставится за изложенный теоретический материал билета (возможно, с помощью наводящих подсказок преподавателя).

Оценка «удовлетворительно» ставится за знание основных вопросов по каждой теме.

Оценка «неудовлетворительно» выставляется, если не выполняются условия для получения оценок «отлично», «хорошо» и «удовлетворительно».

##### **3.1.4 Методические материалы для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации (контрольно-измерительные материалы, оценочные средства)**

Период обучения (модуль): **Семестр 6**

###### **Список вопросов к экзамену:**

1. Введение в молекулярную биологию.
2. Структура ДНК.
3. Белковые структуры.
4. Основные направления исследований в современной биоинформатике.
5. Точное совпадение строк: наивный метод.
6. Алгоритм Бойера-Мура.

7. Алгоритм Кнута-Морриса-Пратта.
8. Алгоритмы выравнивания последовательностей.
9. Суффиксные деревья.
10. Методы сборки генома
11. Поиск в базе данных для последовательностей. BLAST.
12. Скрытые марковские модели в биоинформатике.
13. Масс-спектрометрия белков и пептидов: основные принципы.
14. Идентификация белков и пептидов методом поиска в базе данных.
15. *De novo* секвенирование белков и пептидов.
16. Количественная протеомика.

### **3.1.5 Методические материалы для оценки обучающимися содержания и качества учебного процесса**

#### **3.2. Кадровое обеспечение**

##### **3.2.1 Образование и (или) квалификация штатных преподавателей и иных лиц, допущенных к проведению учебных занятий**

К чтению лекций должны привлекаться преподаватели, имеющие ученую степень доктора или кандидата наук (в том числе степень PhD, прошедшую установленную процедуру признания и установления эквивалентности) и/или ученое звание профессора или доцента.

##### **3.2.2 Обеспечение учебно-вспомогательным и (или) иным персоналом**

не требуется

#### **3.3. Материально-техническое обеспечение**

##### **3.3.1 Характеристики аудиторий (помещений, мест) для проведения занятий**

Стандартно оборудованные лекционные аудитории, должны вмещать поток в соответствии со списком студентов

##### **3.3.2 Характеристики аудиторного оборудования, в том числе неспециализированного компьютерного оборудования и программного обеспечения общего пользования**

Доска для письма мелом или фломастером; видеопроектор и экран.

##### **3.3.3 Характеристики специализированного оборудования**

не требуется

##### **3.3.4 Характеристики специализированного программного обеспечения**

не требуется

##### **3.3.5 Перечень и объёмы требуемых расходных материалов**

Мел — не менее 1 куска на час лекционных занятий, фломастеры для доски, губка

### **3.4. Информационное обеспечение**

#### **3.4.1 Список обязательной литературы**

1. N.C. Jones, P. A. Pevzner, “An Introduction to Bioinformatics Algorithms”, MIT Press, 2004.
2. D. Gusfield, “Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology”, Cambridge University Press, 1997. (Пер. с англ. (И.В. Романовский): Д. Гасфилд, “Строки, деревья и последовательности в алгоритмах. Информатика и вычислительная биология”, ВHV, 2003.)

#### **3.4.2 Список дополнительной литературы**

1. R. Matthiesen (Ed.), “Mass Spectrometry Data Analysis in Proteomics”, 2<sup>nd</sup> Edition, Humana Press (Springer), 2013.

#### **3.4.3 Перечень иных информационных источников**

не предусмотрен

### **Раздел 4. Разработчики программы**

Вяткина Кира Вадимовна, кандидат физ.-мат. наук, ведущий научный сотрудник СПбГУ,  
[k.vyatkina@spbu.ru](mailto:k.vyatkina@spbu.ru)