

Санкт-Петербургский государственный университет

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА
УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ**

Введение в биоинформатику (спец курс), тр 5-8 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.)		
ОСНОВНАЯ ТРАЕКТОРИЯ																	
очная форма обучения																	
Семестр 5-8	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
ОСНОВНАЯ ТРАЕКТОРИЯ						
очная форма обучения						
Семестр 5-8			экзамен, устно, традиционная форма	по графику промежуточной аттестации, по графику промежуточной аттестации		

2.2. Структура и содержание учебных занятий

Период обучения (модуль): Семестр 5-8

№ 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 недозволенных материалов (устройств) составляется акт, и студент удаляется с экзамена. После ответа на вопросы билета преподаватель задает 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 решенную задачу и правильные ответы на дополнительные вопросы преподавателя. В болонской шкале оценка может быть скорректирована в ту или иную сторону с учетом малозначительных погрешностей изложения или, напротив, углубленного 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 5-8**

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”, 2nd 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