

**АВТНОМНАЯ НЕКОММЕРЧЕСКАЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНАЯ  
ОРГАНИЗАЦИЯ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«НАУЧНО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»  
(АНОО ВО «УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»)**

---

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)**

**Введение в специальность**

Уровень образования:	высшее образование – программа магистратуры
Направление подготовки:	01.04.02 Прикладная математика и информатика 06.04.01 Биология
Направленность (профиль):	Биоинформатика

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 2 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

## 1. Общая характеристика дисциплины (модуля)

1.1. Цель: формирование у магистрантов целостного представления о биоинформатике как междисциплинарной науке, объединяющей биологию, информатику, математику и статистику, а также подготовка к успешному освоению последующих дисциплин образовательной программы.

### 1.2. Задачи:

- Познакомить студентов с ключевыми понятиями молекулярной биологии и геномики.

- Дать базовое представление о задачах, методах и инструментах биоинформатики.

- Научить работать с биологическими базами данных и открытыми ресурсами (NCBI, Ensembl, PDB и др.).

- Сформировать понимание роли биоинформатики в биомедицине, персонализированной медицине, биотехнологии.

- Развить навыки анализа биологических данных и критического мышления при интерпретации результатов.

### 1.3. Общая трудоемкость: 1 з.е.

### 1.4. Планируемые результаты обучения:

Формируемые компетенции (код компетенции, формулировка)	Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю) (индикаторы достижения компетенций)
ПК-1. Способен решать актуальные задачи фундаментальной и прикладной математики.	ПК-1.1. Применяет основы фундаментальных математических, биологических дисциплин и других естественных наук.
	ПК-1.2. Формулирует, анализирует и решает профессиональные задачи с применением фундаментальных знаний математики, биологии и других естественных наук.
	ПК-1.3. Применяет практический опыт постановки и решения актуальных задач математической биологии и других наук.
ПК-2. Способен реализовывать и совершенствовать существующие и вводить новые математические методы решения прикладных задач.	ПК-2.1. Использует основные математические методы решения прикладных задач.
	ПК-2.2. Осуществляет анализ и выбор методов решения задач профессиональной и научной деятельности на основе теоретических знаний в области математических и компьютерных наук.
	ПК-2.3. Применяет практический опыт разработки новых методов математического моделирования для решения задач профессиональной и научной деятельности.
ПК-3. Способен разрабатывать математические модели и проводить их анализ при решении	ПК-3.1. Использует основные положения, терминологию и методологию в области математического и компьютерного моделирования.

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 3 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

задач в области профессиональной деятельности.	ПК-3.2. Выбирает, использует и разрабатывает необходимые методы математического и компьютерного моделирования в зависимости от поставленных задач.
	ПК-3.3. Применяет методы математического и компьютерного моделирования.
ПК-4. Способен комбинировать и адаптировать информационно-коммуникационные технологии для решения профессиональных задач в области биоинформатики, биоинженерии, биотехнологии и фарминдустрии с учетом требований информационной безопасности	ИПК-4.1. Знает базовые понятия информатики, информации, ее измерения, кодирования и представления в вычислительных системах, а также принципы сбора, хранения и обработки информации
	ИПК-4.2. Использует информационно-коммуникационные технологии для решения профессиональных задач в области биоинформатики, биоинженерии, биотехнологии и фарминдустрии
	ИПК-4.3. Комбинирует и адаптирует информационно-коммуникационные технологии с учетом требований информационной безопасности

## 2. Структура и содержание дисциплины (модуля)

### 2.1. Объем дисциплины и виды учебной деятельности:

Виды учебной деятельности	1 семестр	Всего
<b>Контактная работа обучающихся с преподавателем, всего ч.</b>	36	36
Лекционные занятия, ч.	18	18
Практические (семинарские) занятия, ч.	x	x
Лабораторные занятия, ч.	x	x
Промежуточная аттестация – экзамен, ч	x	x
Промежуточная аттестация – зачет с оценкой, ч	x	x
Промежуточная аттестация – зачет, ч	2	2
<b>Самостоятельная работа обучающихся, всего ч.</b>	16	16
<b>Общая трудоемкость, ч.</b>	36	36
<b>Общая трудоемкость, з.е.</b>	1	1

2.2. Структура дисциплины (модуля) по разделам (темам) и видам учебной деятельности:

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 4 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

Наименования разделов (тем) дисциплины	Лекционные занятия, ч	Практические (семинарские) занятия, ч	Лабораторные занятия, ч	Промежуточная аттестация, ч	Самостоятельная работа, ч	Всего, ч	Форма текущего контроля / промежуточной аттестации
Раздел 1. Основы молекулярной биологии для биоинформатиков.	4				2	6	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование
Раздел 2. Что такое биоинформатика?	4				4	8	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование
Раздел 3. Биологические базы данных	2				2	4	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование
Раздел 4. Выравнивание последовательностей	2				2	4	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование
Раздел 5. Филогенетический анализ	2				2	4	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование
Раздел 6. Основы анализа NGS-данных	2				2	4	Устный опрос, проектные работы, контрольные

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 5 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

							работы, тестирование
Раздел 7. Карьера и перспективы в биоинформатике	2				2	4	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование
Промежуточная аттестация				2		2	зачёт
Итого	18	0	0	2	16	36	

### 2.3. Содержание разделов (тем) дисциплины (модуля):

Наименования разделов (тем) дисциплины	Содержание разделов (тем) дисциплины
Раздел 1. Основы молекулярной биологии для биоинформатиков.	Центральная догма молекулярной биологии. Структура ДНК, РНК, белков. Гены, интроны, экзоны, промоторы. Геном, транскриптом, протеом. Основы генетики: SNP, мутации, варианты.
Раздел 2. Что такое биоинформатика?	История и биоразвитие информатики. Основные задачи: аннотирование, структура предсказаний, сравнительный анализ. Роль биоинформатики в биомедицине, фармакогеномике, синтетической биологии. Примеры крупных проектов: Проект «Геном человека», «1000 геномов», GTEch.
Раздел 3. Биологические базы данных	NCBI (GenBank, PubMed, BLAST). EMBL-EBI (Ensembl, UniProt, ArrayExpress). PDB — база данных белковых структур. Поиск и интерпретация данных: инвентарные номера, метаданные.
Раздел 4. Выравнивание постепенностей	Локальное и глобальное соревнование. Алгоритмы: Нидлман-Вунш, Смит-Уотерман.

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 6 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

	Использование BLAST: нуклеотидный BLAST, белковый BLAST, PSI-BLAST.  Интерпретация E-ценность, идентичность, охват.
Раздел 5. Филогенетический анализ	Понятие филогенетического дерева.  Этапы строительства: конкурсные, выбор модели, реконструкция дерева.  Программы: MEGA, PhyML (онлайн-инструменты).  Интерпретация филогенетических деревьев.
Раздел 6. Основы анализа NGS-данных	Типы высокопропускной секвенции (NGS): RNA-seq, WGS, ChIP-seq.  Основные этапы анализа: контроль качества, картирование, подсчёт экспрессии.  Обзор инструментов: FastQC, Bowtie2, SAMtools, DESeq2 (на уровне концепций).  Предварительный просмотр данных: IGV, Браузер генома UCSC.
Раздел 7. Карьера и перспективы в биоинформатике	Роли в команде: биоинформатик, специалист по данным, компьютерный биолог.  Навыки, востребованные на рынке: Python/R, Linux, работа с данными.  Научные журналы, конференции, открытая наука.  Этические аспекты: конфиденциальность генетических данных.

#### 2.4. Самостоятельная работа

Самостоятельная работа предусматривает: самостоятельное изучение теоретического материала, подготовку к ответам на семинарских заданиях, подготовку к текущему контролю и промежуточной аттестации, выполнение тестовых заданий по пройденным темам курса.

### 3. Текущий контроль и промежуточная аттестация по дисциплине (модулю). Оценочные материалы

3.1. Текущий контроль успеваемости проводится в течение семестра в следующих формах:

Наименования разделов (тем) дисциплины (модуля)	Форма текущего контроля	Оценочные материалы
---	-------------------------	---------------------

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 7 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

Раздел 1. Введение. Сходство последовательностей	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 2. Задача парного выравнивания. Локальное и глобальное выравнивание.	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 3. Матрицы замен. PAM. BLOSUM	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 4. Поиск в базах. BLAST.	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 5. Кластеризация последовательностей	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 6. Множественное выравнивание	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 7. Локальное выравнивание для NGS. Преобразование Барроуза-Уилера	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 8 Листов 12
-------------------------------	---	---------------------

Раздел 8. Задача сборки геномов. Контиг и прочтение. Выравнивание перекрытий. Методы на графах	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования
Раздел 9. Аннотация геномов. Марковские модели последовательностей. НММ	Устный опрос, проектные работы, контрольные работы, тестирование	Перечень вопросов для опроса и тем для групповых и индивидуальных проектов, комплект заданий для контрольных работ и тестирования

### 3.2. Оценочные материалы для текущего контроля

Примерный перечень вопросов для устного опроса:

Центральная догма молекулярной биологии  
— Объясните, что такое центральная догма. Опишите поток генетической информации: от ДНК к РНК к белку. Укажите исключения (обратная транскрипция, рибозимы).

Основные типы биологических последовательностей: ДНК, РНК, белки  
— Охарактеризуйте каждую молекулу: структура, функция, алфавит (нуклеотиды/аминокислоты). Приведите примеры.

Что такое геном? Чем он отличается от гена?  
— Дайте определение генома и гена. Объясните, что входит в состав гена (промотор, экзоны, интроны и т.д.).

Биологические базы данных: NCBI, Ensembl, UniProt, PDB  
— Перечислите основные базы данных. Укажите, какие типы данных они содержат и как их использовать в исследованиях.

Поиск гомологичных последовательностей с помощью BLAST  
— Объясните принцип работы BLAST. Что означают параметры: E-value, identity, query coverage? Как интерпретировать результаты?

Глобальное и локальное выравнивание последовательностей  
— В чём разница между глобальным и локальным выравниванием? Какие алгоритмы используются (Needleman-Wunsch, Smith-Waterman)?

Филогенетическое дерево: понятие, типы, интерпретация  
— Что такое филогенетическое дерево? Чем отличаются укоренённые и неукоренённые деревья? Как по дереву определить эволюционные связи?

Этапы построения филогенетического дерева  
— Опишите шаги: выбор последовательностей, выравнивание, выбор модели замен, построение дерева (например, методом максимального правдоподобия).

Высокопропускная секвенция (NGS): основные типы и применение  
— Перечислите основные платформы и типы NGS (WGS, RNA-seq, ChIP-seq). Кратко опишите, для чего каждый тип используется.

Основные этапы анализа RNA-seq данных  
— Опишите этапы: контроль качества (QC), картирование на референсный геном, подсчёт экспрессии, дифференциальная экспрессия.

Что такое SNP и зачем они изучаются?  
— Дайте определение SNP (одиночный нуклеотидный полиморфизм). Приведите примеры связи SNP с заболеваниями (например, BRCA1 и рак молочной железы).

Роль биоинформатики в персонализированной медицине  
— Объясните, как анализ генома пациента помогает в диагностике и выборе лечения. Приведите пример (например, фармакогеномика).

Структурная биоинформатика: предсказание и анализ 3D-структуры белков  
— Что такое PDB? Как используются данные о структуре белков? Кратко о методах: рентгеновская кристаллография, крио-ЭМ, AlphaFold.

Чем отличается биоинформатик от биолога и программиста?  
— Опишите междисциплинарную роль биоинформатика. Какие знания и навыки он должен сочетать?

Этические и правовые аспекты работы с генетическими данными  
— Как обеспечивается конфиденциальность геномной информации? Что такое информированное согласие? Упомяните GDPR или локальные законы.

Что такое метагеномика и где она применяется?  
— Дайте определение метагеномики. Примеры: изучение микробиома кишечника, окружающей среды.

Геном человека: размер, количество генов, "мусорная ДНК"  
— Назовите приблизительные характеристики генома человека. Почему часть ДНК называют "некодирующей"? Какова её функция?

Инструменты визуализации геномных данных: IGV, UCSC Genome Browser  
— Для чего используются эти инструменты? Что можно увидеть на геномной карте (экзоны, регуляторные элементы, SNP)?

АНОО ВО «Университет «Сириус»	Рабочая программа дисциплины (модуля) «Введение в специальность»	Лист 10 Листов 12
-------------------------------	---	----------------------

Что такое open science и почему это важно в биоинформатике? — Объясните принципы открытой науки: открытые данные, код, публикации. Приведите примеры (например, проект 1000 Genomes).

Перспективы развития биоинформатики: AI, single-cell sequencing, digital twins — Какие новые технологии влияют на биоинформатику? Кратко опишите роль искусственного интеллекта (например, AlphaFold) и одноклеточной секвенции.

3.3. Формой промежуточной аттестации является зачет.

Результаты промежуточной аттестации оцениваются как «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» и «неудовлетворительно».

Оценка «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означает успешное прохождение промежуточной аттестации.

3.4. Оценочные материалы для промежуточной аттестации

Перечень вопросов для зачета:

1. Основы молекулярной биологии.

Опишите структуру ДНК и РНК. В чем их отличие?

Что такое ген? Перечислите и охарактеризуйте его основные элементы.

Объясните процесс транскрипции и трансляции. Какие молекулы в них участвуют?

Что такое интроны и экзоны? Как происходит сплайсинг?

Дайте определение понятий: геном, транскриптом, протеом, метагеном.

2. Биоинформатика как наука.

Что изучает биоинформатика? Перечислите основные задачи и области применения.

Какие междисциплинарные знания необходимы в области биоинформатики?

Назовите ключевые этапы развития биоинформатики. Как объяснить проект «Геном человека»?

В чем разница между биоинформатиком, биологом-исследователем и data science'ом?

Какие современные вызовы стоят выше биоинформатики (например, больших данных, этики, искусственного интеллекта)?

3. Биологические базы данных.

Охарактеризуйте основания данных NCBI. Какой ресурс она включает (GenBank, PubMed, BLAST)?

Что такое инвентарный номер? Как с его помощью найти информацию о гене?

Как использовать Ensembl для анализа гена? Какие данные можно получить?

Расскажите о базе UniProt. Чем отличаются записи Swiss-Prot и TrEMBL?

Что хранить в PDB? Как визуализировать 3D-структуру белка?

#### 4. Анализ последовательностей

В чем разница между глобальным и локальным спортом? Приведите примеры алгоритмов.

Объясните принцип работы BLAST. Что означают параметры: E-значение, % идентичности, охват запроса?

Как интерпретировать результаты BLAST? Как определить, является ли гомология инновационной?

Что такое профиль-сравнение (PSI-BLAST)? В каких случаях оно применяется?

Какие матрицы замен (PAM, BLOSUM) используются при использовании белков? В чём их детали?

#### 5. Филогенетика и эволюция.

Что такое филогенетическое дерево? Какие виды существующих существ (укоренённые, неукоренённые)?

Опишите основные этапы построения филогенетического дерева.

Как выбрать модель эволюции при строительстве дерева? Приготовьте образцы моделей (JC69, HKY, GTR).

В чем суть метода максимального правдоподобия (Максимального Правдоподобия) в филогенетике?

Как интерпретировать ветви и узлы филогенетической основы?

#### 6. Геномика и НГС

Что такое NGS (высокопропускная секция)? Перечислите основные платформы и типы экспериментов.

Опишите этапы анализа данных RNA-seq: от сырых данных до дифференциальной экспрессии.

Какие инструменты используются для контроля качества данных (FastQC), картирования (Bowtie2, STAR) и анализа экспрессии (DESeq2)?

Что такое SNP и инделы? Как они выявляются и зачем изучаются?

Какие этические и правовые аспекты связаны с хранением и использованием геномных данных?

#### 4. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

##### 4.1. Перечень основной литературы:

Стефанов, В. Е. Биоинформатика / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт, 2025. — 249 с.

##### 4.2. Перечень дополнительной литературы:

1. Comreau P, Pevzner P. Bioinformatics Algorithms / Active Learning Publishers, 2018.

2. Mount D. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis / Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004.

3. Dasgupta S, Papadimitriou CH & Vazirani M, Algorithms / McGraw-Hill Education, 2016.

4. D. MacLean, R Bioinformatics Cookbook: Use R and Bioconductor to perform RNAseq, genomics, data visualization, and bioinformatic analysis.

##### 4.3. Перечень современных профессиональных баз данных и ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

1. SEQanswers [Электронный ресурс] <http://seqanswers.com/> - информационный ресурс (дискуссионный форум) о методах высокопроизводительного секвенирования.

#### 5. Материально-техническое и программное обеспечение дисциплины (модуля)

##### 5.1. Материально-техническое обеспечение:

Вид аудитории	Технические средства и оборудование
Учебная аудитория для проведения лекционных занятий	Альфа 5.1 - учебная аудитория для проведения учебных занятий, предусмотренных программой магистратуры. Доска магнитно-маркерная поворотная BoardSYS Twist 100x160 ПО-15Ф 1 шт. Флипчарт 70*100 на роликах 1 шт. Стол-кафедра 1 шт. Стол аудиторный 1 шт. Столы-трансформеры Summa GA ученические 25 шт. Стулья на колесах ученические 25 шт. Ноутбук HP 1 шт. Интерактивная панель NexTouch Nextpanel 86" 1 шт. Радиосистема Arthur Forty U-9700C PSC (UHF) в комплекте. Акустическая система Behringer B215D 2 шт. Веб-камера 4K с технологией искусственного интеллекта JazzTel JT-Vintage-4K 1 шт. Комплект электронных презентаций.

5.2. Перечень лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения, в том числе российского производства: не предусмотрено.