



ОСНОВИ БІОІНФОРМАТИКИ

Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	<i>Перший (освітній)</i>
Галузь знань	13 – Механічна інженерія
Спеціальність	133 – Галузеве машинобудування
Освітня програма	<i>Механічна інженерія</i>
Статус дисципліни	вибіркова
Форма навчання	Денна
Рік підготовки, семестр	4 курс, осінній семестр
Обсяг дисципліни	Загальна кількість 90 год.
Семестровий контроль/ контрольні заходи	Залік/МКР
Розклад занять	<i>Лекція: 1,5 год/тиждень; практика: 1,5 год/тиждень</i>
Мова викладання	Українська
Інформація про керівника курсу / викладачів	Лектор: д. т. н., проф. Горобець Світлана Василівна, gorobetssv@gmail.com Лабораторні роботи (комп'ютерний практикум) д. т. н., проф. Горобець Світлана Василівна, gorobetssv@gmail.com
Розміщення курсу	

Програма навчальної дисципліни

1. Опис навчальної дисципліни, її мета, предмет вивчення та результати навчання

Створення різних баз біотехнологічних даних та автоматизованих медичних систем, які накопичують інформацію, приводить до необхідності застосування статистичних методів її обробки. Крім того, надзвичайна складність задач, що розв'язуються біотехнологією та медициною призводить до необхідності застосування в цих галузях комп'ютерних технологій. Перераховані вище завдання входять у сферу досліджень біоінформатики. В сучасному світі інженеру-біотехнологу необхідно вміти користуватися різноманітними програмними засобами для аналізу отриманих даних та вміти працювати з базами біотехнологічних даних, тобто інженер-біотехнолог потребує знань біоінформатики для розробки та вдосконалення технологій виробництва цільових продуктів.

Біоінформатика вивчає застосування сучасних інформаційних та обчислюваних технологій у молекулярній біології, біотехнології для аналізу і систематизації біологічних даних, моделювання процесів, що відбуваються на молекулярному, клітинному рівні та на рівні всього організму. Її метою є виявлення структури, функцій та взаємодії біомакромолекул (ДНК, РНК, білків) і подальше використання цих знань при створенні нових лікарських препаратів, наноматеріалів і приладів для діагностики і лікування людини, а також отримання організмів з наперед заданими властивостями. До першочергових задач біоінформатики потрібно віднести такі, як аналіз геномів, виділення з їх складу окремих генів, їх екзон-інтронної структури, сигнальних послідовностей, передбачення функцій генів і експресованих ними продуктів, виявлення генів – потенційних мішеней дії нових ліків, оцінка ролі окремих складових амінокислотної послідовності у функціонуванні білка, побудова молекулярних моделей білків і нуклеїнових кислот, виходячи з їх послідовностей, дослідження механізму функціонування макромолекул, виходячи з їх молекулярних моделей, комп'ютерне конструювання ліків, засноване на раціональному виборі генів-мішеней і молекулярних моделей їх білкових продуктів.

З огляду на це, дисципліна «Основи біоінформатики» безперечно, є важливою та актуальною для підготовки сучасних спеціалістів.

- Метою навчальної дисципліни Основи біоінформатики є формування у студентів здатностей: застосовувати типові аналітичні методи та комп'ютерні програмні засоби для розв'язування інженерних завдань галузевого машинобудування, ефективні кількісні методи математики, фізики, інженерних наук, а також відповідне комп'ютерне програмне забезпечення для розв'язування інженерних задач галузевого машинобудування;
- застосовувати фундаментальні наукові факти, концепції, теорії, принципи для розв'язування професійних задач і практичних проблем галузевого машинобудування;
- систематичного вивчення та аналізу науково-технічної інформації, вітчизняного й закордонного досвіду з відповідного профілю підготовки;
- використання інформаційних і комунікаційних технологій;
- вчитися і оволодівати сучасними знаннями;

Основні завдання навчальної дисципліни

Після засвоєння навчальної дисципліни студенти мають продемонструвати такі результати навчання:

ЗНАННЯ:

- студент освоїть алгоритми, на основі яких створюється програмне забезпечення для біоінформаційних баз даних, буде вміти правильно вибирати параметри алгоритмів закладених в базах даних, здійснювати інтерпретацію даних, отриманих при вирівнюванні послідовностей ДНК, РНК, білків, які анотовані в біоінформаційних базах даних.

- знати програму BLAST, вміти вирівнювати нуклеотидні та амінокислотні послідовності різних організмів з використанням матриць PAM і BLOSUM, змінювати параметри програми BLAST для оптимізації вирівнювання послідовностей при роботі з базами даних;

- розуміти написання програм на мові програмування Python для побудови різноманітних вирівнювань та аналізу експериментальних даних.

- знання основних наявних нуклеотидних ресурсів біоінформаційних баз даних геномів, виділення з їх складу окремих генів, екзон-інтронної структури окремих нуклеотидних послідовностей, амінокислотних послідовностей, сигнальних послідовностей і т. ін.

- знання можливостей практичного використання біоінформаційних баз даних в дослідженнях з молекулярної біології, біотехнології, медицині, екології тощо.

УМІННЯ:

- програмувати на базовому рівні на мові Python;

- вміти реалізовувати основні біоінформатичні алгоритми вирівнювання на мові Python;

- вміти використовувати пакет Matplotlib Python для побудови графіків та діаграм, аналізу експериментальних даних;

- вміти застосовувати сучасні методи біоінформатики для розв'язання практичних задач, пов'язаних з дослідженням і проектуванням біотехнологічних процесів.

Програмні результати навчання:

- Знання і розуміння засад технологічних, фундаментальних та інженерних наук, що лежать в основі галузевого машинобудування відповідної галузі;
- Відшуковувати потрібну наукову і технічну інформацію в доступних джерелах, зокрема, іноземною мовою, аналізувати і оцінювати її;
- Знати та розуміти суміжні галузі (механіку рідин і газів, теплотехніку, електротехніку, електроніку) і вміти виявляти міждисциплінарні зв'язки на рівні, необхідному для виконання інших вимог освітньої програми.

2. Пререквізити та постреквізити дисципліни (місце в структурно-логічній схемі навчання за відповідною освітньою програмою)

Місце в структурно-логічній схемі навчання забезпечується дисциплінами, такими як загальні хімічні та біологічні дисципліни: «Програмне забезпечення інженерних розрахунків», «Основи моделювання технологічних процесів в галузі», «Обчислювальна математика та програмування», а також базовий рівень володіння англійською мовою не нижче А2. У структурно-логічній площині програми підготовки бакалаврів дисципліна базується на попередньо вивчених дисциплінах, які створюють фундамент для подальшої дослідницької і практичної діяльності випускників.

3. Зміст навчальної дисципліни

Тема 1. Становлення біоінформатики та використання мови програмування Python для застосувань в біотехнології та біоінформатиці.

Лекція 1. Історія становлення біоінформатики. Предмет і задачі біоінформатики.

Лекція 2. Базовий синтаксис мови програмування Python.

Лекція 3. Структури даних мови Python (рядки, списки, словники, кортежі, множини).

Лекція 4. Робота з функціями в мові Python.

Тема 2. Об'єкти дослідження біоінформатики. Методи динамічного програмування

Лекція 5. Методи динамічного програмування. Алгоритм глобального вирівнювання двох послідовностей.

Лекція 6. Реалізація алгоритму глобального вирівнювання двох послідовностей на мові програмування Python.

Лекція 7. Алгоритми локального та псевдоглобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей.

Лекція 8. Модифікації алгоритму вирівнювання генетичних послідовностей. Алгоритми швидкого вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей. Алгоритм побудови точкової матриці (dot-матриці).

Лекція 9. Види програми BLAST. Система премій і штрафів для вирівнювання послідовностей. Матриці амінокислотних замінів PAM і BLOSUM.

Лекція 10. Використання хеш-таблиці для пошуку співпадінь по списку слів в програмі BLAST, алгоритм хешування.

Тема 3. Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології.

Лекція 11. Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології. Пакет Matplotlib для побудови графіків та діаграм.

Лекція 12. Використання пакету Biopython для дослідження властивостей ДНК, РНК та білків на прикладі вірусу COVID-19.

Лекція 13. Постгеномна ера в розвитку біоінформатики. Розвиток персоналізованої медицини. Рівень впровадження персоналізованої медицини в різних країнах.

Надається перелік розділів і тем всієї дисципліни.

Навчальні матеріали та ресурси

Базова література:

1. Горобець, С. В. Основи біоінформатики [Електронний ресурс]: підручник для студентів напряму підготовки 6.051401 «Промислова біотехнологія» факультету біотехнології і біотехніки / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, Т. А. Хоменко ; НТУУ «КПІ». - Електронні текстові дані (1 файл: 2,72 Мбайт). – Київ : НТУУ «КПІ», 2010

2. Горобець С. В. Біоінформатика. Практикум [Електронний ресурс]: навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, І.В. Дем'яненко; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл 5.49 Мбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 86с. <https://ela.kpi.ua/handle/123456789/38813>
3. Горобець С. В. Біоінформатичні бази даних [Електронний ресурс] : навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, М. О. Булаєвська ; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл: 3,86 Мбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 117 с. <https://ela.kpi.ua/handle/123456789/36457>
4. Замуруєва О. В., Кримусь А. С., Ольхова Н. В. Об'єктно-орієнтоване програмування в Python : курс лекцій. Луцьк : Вежа-Друк, 2018. – 64 с.
5. Яковенко А.В. Основи програмування. Python. Частина 1 [Електронний ресурс]: підручник для студ. спеціальності 122 "Комп'ютерні науки", спеціалізації "Інформаційні технології в біології та медицині" / А. В. Яковенко ; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл: 1,59 Мбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2018. – 195 с.

Додаткова:

1. Пекарський Б.Г. «Основи програмування. Навчальний посібник». – Кондор, 2018. – С. 368.
2. Основи програмування на мові Python : комплексний навчальний посібник : в 2 томах / І.В. Мельник. – Київ : Кафедра, 2020. – 2 томи.
3. Мова програмування Python для інженерів і науковців : навчальний посібник / В.Б. Копей; Міністерство освіти і науки України, Івано-Франківський національний технічний університет нафти і газу, кафедра комп'ютеризованого машинобудування. – Івано-Франківськ : ІФНТУНГ, 2019. – 267 сторінок.
4. An Introduction to Molecular Medicine and Gene Therapy, 2000. <https://doi.org/10.1002/0471223875>.
5. A. Shahryari, M. Saghaeian Jazi, S. Mohammadi, H. Razavi Nikoo, Z. Nazari, E.S. Hosseini, I. Burtscher, S.J. Mowla, H. Lickert, Development and Clinical Translation of Approved Gene Therapy Products for Genetic Disorders, Front. Genet. 10 (2019). <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00868>.
6. O. Valenzuela, F. Rojas, I. Rojas, P. Glosekotter, Main findings and advances in bioinformatics and biomedical engineering- IWBBIO 2018., BMC Bioinformatics. 21 (2020) 153. <https://doi.org/10.1186/s12859-020-3467-0>.

Інформаційні ресурси

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
2. <https://www.python.org/>
3. <https://matplotlib.org/>
4. <http://biopython.org/DIST/docs/tutorial/Tutorial.html>

Навчальний контент

4. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

	<i>Тема 1. Становлення біоінформатики використання мови програмування Python для застосувань в біотехнології та біоінформатиці.</i> Лекція 2.
1	Лекція 1. Історія становлення біоінформатики. Предмет і задачі біоінформатики. Розвиток молекулярної біології та генетики у ХХ сторіччі, сучасні задачі біотехнології та медицини, методи опрацювання великих масивів експериментальних даних молекулярної біології, розвиток комп'ютерної техніки та математичних методів статистичної обробки даних. Основні задачі біоінформатики. Література базова: [1-3]
2	Лекція 2. Базовий синтаксис мови програмування Python.

	Література базова: [4-5]; література додаткова: [1-3]; інформаційні ресурси: [2].
3	Лекція 3. Структури даних мови Python (рядки, списки, словники, кортежі, множини). Література базова [4-5]; література додаткова: [1-3]; інформаційні ресурси: [2].
4	Лекція 4. Робота з функціями в мові Python. Література базова [4-5]; література додаткова: [1-3]; інформаційні ресурси: [2].
	<i>Тема 2. Методи динамічного програмування</i>
5	Лекція 5. Методи динамічного програмування. Алгоритм глобального вирівнювання двох послідовностей. Поняття про методи динамічного програмування. Основний алгоритм побудови глобального вирівнювання послідовностей. Література базова: [1-3]; інформаційні ресурси: [2].
6	Лекція 6. Реалізація алгоритму глобального вирівнювання двох послідовностей на мові програмування Python. Основний алгоритм побудови швидкого вирівнювання двох послідовностей. Література базова: [1-5]; література додаткова: [1-3]; інформаційні ресурси: [2].
7	Лекція 7. Алгоритми локального та псевдоглобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей. Література базова: [1-3]
8	Лекція 8. Модифікації алгоритму вирівнювання генетичних послідовностей. Алгоритми швидкого вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей. Алгоритм побудови точкової матриці (dot-матриці). Література базова: [1-3]
9	Лекція 9. Види програми BLAST. Система премій і штрафів для вирівнювання послідовностей. Матриці амінокислотних замінів PAM і BLOSUM. Система премій і штрафів для вирівнювання послідовностей. Використання вагових матриць PAM і BLOSUM для вирівнювання амінокислотних послідовностей Література базова: [1-3]; інформаційні ресурси: [1].
10	Лекція 10. Використання хеш-таблиці для пошуку співпадінь по списку слів в програмі BLAST, алгоритм хешування. Література базова: [1-3].
	<i>Тема 3. Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології.</i>
11	Лекція 11. Використання мови програмування Python для аналізу експериментальних даних в біотехнології. Пакет Matplotlib для побудови графіків та діаграм. Література базова: [4-5]; література додаткова: [1-3]; інформаційні ресурси: [2,3].
12	Лекція 12. Використання пакету Biopython для дослідження властивостей ДНК, РНК та білків на прикладі вірусу COVID-19. Інформаційні ресурси: [4].
13	Лекція 13. Постгеномна ера в розвитку біоінформатики. Розвиток персоналізованої медицини. Рівень впровадження персоналізованої медицини в різних країнах. Література базова: інформаційні ресурси [4-6].

Лабораторні роботи (комп'ютерний практикум)

Основні завдання циклу лабораторних робіт:

- робота з програмними пакетами, які використовуються в біотехнології;
- практична робота з сучасними базами даних молекулярної біології.

1.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 1.</p> <p>Знайомство та основи роботи в базах даних Національного центру біотехнологічної інформації США (National Center for Biotechnology Information (NCBI)). Пошук інформації в базах даних NCBI по темі бакалаврської роботи. Робота з програмою BLAST.</p> <p>Література базова: [1-3]. інформаційні ресурси [1].</p>
2.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 2.</p> <p>Налаштування інтегрального середовища розробки (ICP), (<i>Integrated development environment – IDE</i>) Pycharm Community та запуск програми на Python. Математичні операції. Введення та виведення даних.</p> <p>Література базова: [4,5]; інформаційні ресурси [2].</p>
3.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 3.</p> <p>Умовні оператори, цикли. Зчитування та запис файлів.</p> <p>Література: базова [4,5], додаткова [1-3]; інформаційні джерела [2]</p>
4.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 4.</p> <p>Робота з функціями в мові Python.</p> <p>Література: базова [4,5], додаткова [1-3]; інформаційні джерела [2]</p>
5. 6.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 5-6.</p> <p>Алгоритм глобального вирівнювання та його реалізація на мові Python.</p> <p>Література: базова [1-5], додаткова [1-3]; інформаційні джерела [2]</p>
7.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 7.</p> <p>Побудова вирівнювань послідовностей з використанням алгоритмів локального та псевдоглобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей.</p> <p>Література базова: [1-3].</p>
8.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 8.</p> <p>Пошук гомологів білків за допомогою програми BLAST NCBI.</p> <p>Література: інформаційні джерела [1]</p>
9.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 9.</p> <p>Побудова матриці амінокислотних замінів PAM і BLOSUM</p> <p>Література базова: [1-3]</p>
10.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 10.</p> <p>Побудова хеш-таблиць для пошуку співпадінь по списку слів в програмі BLAST, опрацювання алгоритму хешування.</p> <p>Література базова: [1-3].</p>
11.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 11</p> <p>Робота з пакетами Matplotlib для побудови графіків та діаграм.</p> <p>Література: базова [4-5], інформаційні ресурси [3].</p>
12.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 12</p> <p style="text-align: center;">Модульна контрольна робота.</p>
13.	<p style="text-align: center;">Лабораторна робота 13</p> <p style="text-align: center;">Залік</p>

5. Самостійна робота студента/аспіранта

Самостійна робота студента по дисципліні включає підготовку до аудиторних занять (28 годин), модульної контрольної (4 години), підготовка до заліку (6 годин).

6. Політика навчальної дисципліни (освітнього компонента)

Вивчення дисципліни «Основи біоінформатики» відбувається на лекційних та лабораторних роботах. Наочність навчальних занять забезпечується використанням значної кількості ілюстративного матеріалу (схем, таблиць, слайдів). Під час викладання даної дисципліни викладач проводить опитування здобувачів для того, щоб визначити рівень засвоєння ними викладеного матеріалу, важливим є активність здобувачів. Лабораторні роботи проходять з використанням комп'ютерної техніки та відповідного програмного забезпечення.

Зазначається система вимог, які викладач ставить перед студентом/аспірантом:

- *правила відвідування занять (як лекцій, так і лабораторних робіт);*
Відвідування лекцій та лабораторних робіт, а також відсутність на них, не оцінюється. Однак, студентам рекомендується відвідувати заняття, оскільки на них викладається теоретичний матеріал та розвиваються навички, необхідні для формування компетентностей, визначених стандартом освіти. Система оцінювання орієнтована на отримання балів за активність студента, а також виконання завдань, які здатні розвинути практичні уміння та навички. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, працевлаштування, міжнародне стажування тощо) навчання може відбуватися в он-лайн формі за погодженням із керівником курсу.
- *правила поведінки на заняттях (активність, підготовка коротких доповідей чи текстів, відключення телефонів, використання засобів зв'язку для пошуку інформації на гугл-диску викладача чи в інтернеті тощо);*
На аудиторних заняттях студент має поважати викладача та дисципліну, що він слухає; виконувати елементарні правила та норми поведінки. Протягом заняття забороняється користуватися мобільними телефонами, окрім екстрених випадків. Норми етичної поведінки студентів і працівників визначені у розділі 2 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: <https://kpi.ua/code>.
- *правила призначення заохочувальних та штрафних балів;*
не передбачено РСО
- *політика деєлайнів та перескладань;*
Термін здачі кожного виду роботи обговорюється на занятті під час видачі завдання та залежить від типу роботи. Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання тем (модулів) відбувається за наявності поважних причин.
- *політика щодо академічної доброчесності;*
визначені у розділі 3 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: <https://kpi.ua/code>. Використання додаткових джерел інформації під час оцінювання знань заборонено (у т.ч. мобільних девайсів). Мобільні пристрої дозволяється використовувати лише під час он-лайн тестування та виконання розрахунків.
інші вимоги, що не суперечать законодавству України та нормативним документам Університету.

7. Види контролю та рейтингова система оцінювання результатів навчання (РСО)

Поточний контроль: виконання практичних робіт (50 балів), написання експрес-контролів (30 балів) та МКР(20 балів). Загальна сума балів за семестрову роботу – 100 балів. Докладніша інформація щодо поточного контролю та критеріїв оцінювання наведена в РСО з дисципліни. (Додаток 1)

Календарний контроль: двічі за семестр.

Семестровий контроль: залік. Загальна сума балів на заліку – 100 балів. Докладніша інформація щодо проведення та оцінювання наведена в РСО з дисципліни.

Умови допуску до семестрового контролю: семестровий рейтинг від не нижче 50 балів, написання МКР та захист усіх лабораторних робіт.

8. Додаткова інформація з дисципліни (освітнього компонента)

Додаток 1

Система рейтингових (вагових) балів занять і рейтингових оцінок по видах контролю за рік

№ п/п	Вид контролю	Бал	Кількість	Сума балів
1	Виконання лабораторних робіт			
	- ваговий бал r_k^*	5	10	50
	-якість виконання	0-5		
2.	Модульна контрольна робота			
	-ваговий бал r_k	20	1	20
	- якість виконання**	0-20		
3.	Написання експрес-контрольних			
	-ваговий бал r_k	5	6	30
	- якість виконання***	0-5		
				100

* - Якість виконання лабораторних робіт: менше 60% - робота не зарахована
 допуск до роботи – 1 бали
 бездоганна робота – 4 балів;
 є певні недоліки у підготовці та/або виконанні роботи – 3 бали;
 є суттєві недоліки у підготовці та/або виконанні роботи – 2 бали;
 Робота не виконана або не захищена – 0-1 балів.

** - Якість виконання модульної контрольної роботи. :
 повна розкрита відповідь – 19-20 балів ;
 помилка в одному завданні або неповна відповідь в двох завданнях – 17-18 балів ;
 помилка в двох завдань або неповна відповідь в 4 завданнях – 12-16 балів;
 робота не зарахована – 0 -11 балів.

***- Якість написання експрес-контрольних
 Експрес-контрольна складається з 10 питань.
 вірна відповідь на питання – 0,5 балів
 не вірна відповідь – 0 балів

Розрахунок шкали (R) рейтингу

Сума вагових балів контрольних заходів протягом семестру складає:

$$R = 50+30+20 = 100 \text{ балів:}$$

Рейтингова шкала з дисципліни складає $R = 100$ балів;

Необхідною умовою для одержання заліку автоматом є зарахування усіх пропозицій, що виносяться на обговорення виконання на позитивну оцінку модульної контрольної роботи та загальний рейтинг більше 60 балів. Для підвищення оцінки проводиться залікова робота.

Календарний контроль:

Рубіжні (планові атестації). Студент повинен набрати балів: 1 атестація – «зараховано» - 20 балів (40 – максимум), 2 атестація – 40 балів (80 – максимум).

Підсумкова оцінка якості знань з дисципліни визначаються за традиційною 6-рівневою шкалою на базі індивідуальних поточних оцінок за такою шкалою:

Рейтинг	Оцінка ESTS	Традиційна оцінка
$95 \leq R < 100$	A	Відмінно
$85 \leq R < 95$	B	Дуже добре
$75 \leq R < 85$	C	Добре
$65 \leq R < 75$	D	Задовільно
$60 \leq R < 65$	E	Достатньо
$R < 60$	Fx	незадовільно

Семестровий контроль: залік. Загальна сума балів заліку – 100 балів. Умови допуску до семестрового контролю: семестровий рейтинг не менше 50 балів, написання МКР та виконання лабораторних робіт.

Заліковий білет складається з 10 питань, 1 питання оцінюється у 10 балів.

Повна відповідь на питання – (10) балів

Зроблені незначні помилки – (8-9) балів

Суттєві помилки у відповіді – (7-6) балів

Відповіді не вірні – (0-5) бали.

Таблиця відповідності рейтингових балів оцінкам за університетською шкалою:

Кількість балів	Оцінка
100-95	Відмінно
94-85	Дуже добре
84-75	Добре
74-65	Задовільно
64-60	Достатньо
Менше 60	Незадовільно

Додаток 1

Питання до контрольної роботи з курсу «Основи біоінформатики»

1. Визначення поняття біоінформатики.
2. Предмет біоінформатики.
3. Цілі біоінформатики.
4. Мета програми «Геном людини».
5. Коли стартувала програми «Геном людини» та основні її досягнення?
6. Які методи динамічного програмування Ви знаєте?
7. Коли використовується алгоритм локального вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
8. Коли використовується алгоритм глобального вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
9. Коли використовується алгоритм псевдоглобального вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
10. Коли використовується алгоритм швидкого вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
11. Що таке найкраще вирівнювання.
12. Що називається *подібністю двох послідовностей*?
13. Що означає кожна комірка матриці ваг префіксів $a(i,j)$?
14. Основна ідея алгоритмів динамічного програмування?
15. Що означає термін вирівнювання послідовностей?
16. Бази даних (загальне визначення) і біоінформаційні БД. В яких областях молекулярної біології застосовують БДБД.
17. Які методи використовуються для вирівнювання 2-х послідовностей, коли і ким ці методи були розроблені?
18. Рекурентна формула для глобального вирівнювання двох послідовностей.

19. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для глобального вирівнювання двох послідовностей.
20. Що таке префікс у матриці порівняння ваг префіксів для глобального вирівнювання двох послідовностей.
21. Рекурентна формула для розрахунку матриці порівняння ваг префіксів в алгоритмі глобального вирівнювання.
22. З якої комірки в матриці порівняння ваг префіксів в алгоритмі глобального
23. Рекурентна формула для локального вирівнювання двох послідовностей.
24. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для локального вирівнювання двох послідовностей.
25. Особливості алгоритму локального вирівнювання.
26. Рекурентна формула для розрахунку матриці порівняння ваг префіксів в алгоритмі локального вирівнювання.
27. З якої комірки в матриці порівняння ваг префіксів в алгоритмі локального вирівнювання починається побудова шляху (графу) вирівнювання.
28. Коли застосовується алгоритм локального вирівнювання?
29. Особливості алгоритму псевдоглобального вирівнювання послідовностей. Може бути тільки одне вирівнювання з максимальною вагою.
30. Мета застосування алгоритму псевдоглобального вирівнювання послідовностей.
31. Рекурентна формула для розрахунку матриці порівняння ваг префіксів в алгоритмі псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей.
32. Ініціалізація нульової строки та нульового стовпчика в алгоритмі псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей.
33. Який алгоритм найчастіше використовується для порівняння гомологічних послідовностей?
34. З якої комірки масиву $a(i, j)$ починається побудова шляху вирівнювання при застосуванні алгоритму швидкого вирівнювання послідовностей?
35. В якій ділянці масиву $a(i, j)$ лежить найкраще вирівнювання при застосуванні алгоритму швидкого вирівнювання послідовностей?
36. Рекурентна формула алгоритму швидкого вирівнювання послідовностей.
37. Ініціалізація нульового стовпчика та нульового рядка в алгоритмі швидкого вирівнювання послідовностей.
38. Чому пропорційний час роботи алгоритму швидкого вирівнювання послідовностей?
39. Мета створення алгоритму швидкого вирівнювання послідовностей.
40. За якою формулою проводиться розрахунок, чи лежить комірка в масиві $p(i, j)$ в середині смуги h в алгоритмі швидкого вирівнювання послідовностей? 1
41. Точкова матриця. Як її отримують, в яких випадках використовують, її основні переваги.
42. Що таке паліндроми, яким методом можна виявити паліндроми, навести приклад.
43. Яким методом порівняння послідовностей легко виявити самокомплементарні РНК? Основна ідея методу.
44. Коли використовується алгоритм загальної функції штрафу для порівняння двох послідовностей?
45. Чому пропорційний час порівняння двох послідовностей при використанні методу хешування?
46. Мета створення програми BLAST.
47. В чому полягає основна стратегія роботи програми BLAST.
48. Яка система числення використовується для побудови «хеш»-таблиць програми BLAST.
49. Формула для розрахунку кількості слів в «хеш»-таблиці для досліджуваної послідовності.
50. При якій довжині слова вирівнювання послідовностей буде більш оптимальним?
51. Основний принцип побудови масивів співпадінь та неспівпадінь слів при порівнянні досліджуваної послідовності $S(n)$ та послідовності з БД $T(m)$: 1(100%), 2(-100%).
52. Який з масивів співпадінь та неспівпадінь слів при порівнянні досліджуваної послідовності $S(n)$ та послідовності з БД $T(m)$ необхідно вибрати?
53. Яким методом вирівнюємо слова, що не співпали при порівнянні досліджуваної послідовності $S(n)$ та послідовності з БД $T(m)$?
54. Формула для розрахунку числового значення кожного слова в «хеш»-таблиці для досліджуваної послідовності

