



## СОДЕРЖАНИЕ

1. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	3
2. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ	4
3. МЕСТО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	5
4. ТРУДОЕМКОСТЬ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ КОНТАКТНОЙ РАБОТЫ	6
5. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ	6
5.1 Разделы учебной дисциплины и компетенции, которые должны быть освоены при их изучении	6
5.2 Разделы дисциплины, виды учебной деятельности и формы текущего контроля	8
5.3 Название тем лекций с указанием количества часов	8
5.4. Название тем практических занятий с указанием количества часов	9
5.5. Лабораторный практикум	10
5.6. Самостоятельная работа обучающегося по дисциплине	10
6. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	11
7. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ	11
8. ПЕРЕЧЕНЬ ОСНОВНОЙ И ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	11
9. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ»	12
10. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	13
11. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	13
12. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ	14
13. КАДРОВОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ	14
14. ИНЫЕ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ	14

Рабочая программа учебной дисциплины «Базы данных и основные методы биоинформатики» разработана на основании учебного плана по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденного Ученым Советом Университета (протокол №5 от 23.05.2023 г.); в соответствии с ФГОС ВО по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденным Министерством науки и высшего образования Российской Федерации от 12 августа 2020 г. №973.

## **1. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ**

**Цель:** формирование основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики, о базах данных, содержащих информацию о биологических структурах и последовательностях, а также применении методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач, необходимых для осуществления профессиональной деятельности в соответствии с квалификационными требованиями, необходимыми в практической деятельности биоинженера и биоинформатика.

### **Задачи:**

- приобретение студентами знаний о современных молекулярно-генетических базах данных, их структуре и организации.
- приобретение навыков практического использования молекулярно-генетического программного обеспечения для биоинформатического анализа.
- изучение основных методов исследования биологических макромолекул и анализа биологических данных;
- формирование навыков использования методов получения, хранения, переработки биологической информации;
- овладение знаниями о научно-исследовательской работе с данными экспериментальной биомедицины.

## 2. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

### Формируемые в процессе изучения учебной дисциплины компетенции

Наименование категории (группы) компетенций	Код и наименование компетенции (или ее части)
1	2
Системное и критическое мышление	<p>УК-1 Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, выработать стратегию действий.</p>
<p>ИД<sub>УК-1</sub>-1 Анализирует проблемную ситуацию как систему, выявляя ее составляющие и связи между ними</p> <p>ИД<sub>УК-1</sub>-2 Определяет пробелы в информации, необходимой для решения проблемной ситуации и проектирует процессы по их устранению</p> <p>ИД<sub>УК-1</sub>-3 Критически оценивает надежность источников информации, работает с противоречивой информацией из разных источников</p> <p>ИД<sub>УК-1</sub>-4 Разрабатывает и содержательно аргументирует стратегию решения проблемной ситуации на основе системного и междисциплинарного подходов</p>	
Разработка и реализация проектов	<p>УК-2 Способен управлять проектом на всех этапах его жизненного цикла.</p>
<p>ИД<sub>УК-2</sub>-1 Формулирует на основе поставленной проблемы проектную задачу и способ ее решения через реализацию проектного управления</p> <p>ИД<sub>УК-2</sub>-2 Разрабатывает концепцию проекта в рамках обозначенной проблемы: формулирует цель, задачи, обосновывает актуальность, значимость, ожидаемые результаты и возможные сферы их применения</p> <p>ИД<sub>УК-2</sub>-3 Планирует необходимые ресурсы, в том числе с учетом их заменяемости</p>	
Безопасность жизнедеятельности	<p>УК-8 Способен создавать и поддерживать в повседневной жизни и в профессиональной деятельности безопасные условия жизнедеятельности для сохранения природной среды, обеспечения устойчивого развития общества, в том числе при угрозе и возникновении чрезвычайных ситуаций и военных конфликтов.</p>
<p>ИД<sub>УК-8</sub>-3 Решает проблемы, связанные с нарушениями техники безопасности и участвует в мероприятиях по предотвращению чрезвычайных ситуаций на рабочем месте</p> <p>ИД<sub>УК-8</sub>-4 Разъясняет правила поведения при возникновении чрезвычайных ситуаций природного и техногенного происхождения, оказывает первую помощь, описывает способы участия в восстановительных мероприятиях</p>	
	<p>ОПК-4 Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования.</p>
<p>ИД<sub>ОПК-4</sub>-1 Знает и понимает основы генетики, токсикологии и биохимии в рамках прикладного применения в области биоинженерии; терминологию, используемую в генетической и клеточной инженерии; основные методы получения рекомбинантных молекул ДНК, способы внедрения рекомбинантных молекул в исследуемые организмы и получение штаммов микроорганизмов и клеточных линий со стабильной экспрессией чужеродных генов; технологию культивирования изолированных клеток и тканей; основы создания и действия противовирусных вакцин и</p>	

<p>препаратов; подходы к использованию вирусов в биоинженерии и медицине; принципы медико-биологической и генетической оценки генно-инженерно-модифицированных организмов.</p> <p>ИД<sub>ОПК-4</sub>-2 Умеет: подбирать оптимальные практические пути использования рекомбинантных ДНК и культур клеток и тканей для решения типичных задач профессиональной области; интерпретировать и оценивать экспериментальную информацию по биологическим объектам; оценивать степень риска работы с генно-инженерными объектами; выбирать подход к созданию биоинженерных конструкций на основе вирусов и оценивать целесообразность использования вирусов для выполнения биоинженерных задач; обосновывать использование различных методов исследования в сферах биоинженерной практики.</p> <p>ИД<sub>ОПК-4</sub>-3 Имеет практический опыт: применения методов получения рекомбинантных молекул <i>in vitro</i>, внедрения рекомбинантной ДНК в клетки про- и эукариот; исследований безопасности отдельных видов биоинженерной продукции.</p>	
	<p><b>ОПК-5</b> Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа.</p>
<p>ИД<sub>ОПК-5</sub>-1 Знает основы биоинформатики; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных геномами.</p> <p>ИД<sub>ОПК-5</sub>-2 Умеет получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации.</p> <p>ИД<sub>ОПК-5</sub>-3 Имеет практический опыт применения современных методов программирования, навыков работы с биоинформационными ресурсами.</p>	
	<p><b>ПК-1</b> Способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.</p>
<p>ИД ПК-1.-1. Способен изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования</p> <p>ИД ПК-1.-2.. Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой</p> <p>ИД ПК-1.-3.. Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам</p> <p>ИД ПК-1.-4.. Участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов</p> <p>ИД ПК-1.-5.. Использует методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях</p>	

### 3. МЕСТО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Учебная дисциплина «Базы данных и основные методы биоинформатики» Б1.Б.20 относится к базовой части дисциплин учебного плана по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика».

Материал дисциплины опирается на ранее приобретенные студентами знания по дисциплинам:

- 1) Молекулярная биология (Б1.Б.1)
- 2) Клеточная биология (Б1.Б.2)
- 3) Микробиология и вирусология (Б1.Б.10).
- 4) Молекулярная биология (Б1.Б.11)
- 5) Математический анализ (Б1.Б.14)
- 6) Информатика (Б1.Б.19)
- 7) Информационные технологии в науке и преподавании (Б1.Б.24)

и подготавливает студентов к изучению таких дисциплин как «Биоинформатика», «Иммунодиагностика и иммунопрофилактика», «Биоинженерия».

#### 4. ТРУДОЕМКОСТЬ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ КОНТАКТНОЙ РАБОТЫ

Вид работы	Всего часов	Кол-во часов в семестре	
		№ 3	№ 4
1	2		
<b>Контактная работа (всего), в том числе:</b>	<b>126</b>	<b>72</b>	<b>54</b>
<b>Аудиторная работа</b>	<b>126</b>	<b>72</b>	<b>54</b>
Лекции (Л)	36	22	14
Практические занятия (ПЗ)	90	50	40
Семинары (С)			
Лабораторные работы (ЛР)			
<b>Внеаудиторная работа</b>			
<b>Самостоятельная работа обучающегося (СРО)</b>	<b>90</b>	<b>36</b>	<b>54</b>
<b>Вид промежуточной аттестации</b>	зачет (З)		3
	экзамен (Э)		
<b>ИТОГО: Общая трудоемкость</b>	час.	<b>216</b>	<b>108</b>
	ЗЕТ	<b>6</b>	<b>3</b>

#### 5. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

5.1 Разделы учебной дисциплины и компетенции, которые должны быть освоены при их изучении

№ п/п	Индекс компетенции	Наименование раздела учебной дисциплины	Содержание раздела
1	2	3	4
1.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4	Введение в биоинформатику	Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты. Электронные библиотечные ресурсы. Биологическая классификация и номенклатура. Интернет. Поисковые системы.
2.	УК-1, УК-2,	Базы данных	Основы структур баз данных (записи, поля, объекты). Классификация баз по способу заполнения

	УК-8, ОПК-4, ОПК-5 ПК-1		(автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro). Метаболические базы данных. Генетические банки (физические карты, OMIM). Специализированные банки данных.
3.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5 ПК-1	Биоинформатические программы и сервисы	Анализ последовательностей биологических полимеров. Расширенный поиск с применением алгоритмов семейства BLAST. Предсказание физико-химических свойств белков на основании аминокислотных последовательностей. Предсказание особых типов структур и свойств белков. Крупные репозитории веб-сервисов.
4.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5 ПК-1	Поиск гомологичных последовательностей	Понятие о выравнивании. Выравнивание белковых и нуклеотидных последовательностей. Знакомство с семейством программ, служащих для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности. Изучение функциональных особенностей основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn), белковые (blastp, cdart, rpsblast, psi-blast, phi-blast), транскрибирующие (blastx, tblastn, tblastx), геномные и специальные (bl2seq, VecScreen).
5.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4	Статистический анализ. MS-Excel	Изучение возможностей Excel (ввод данных, вычисления, формулы) на примере первичной последовательности белков. Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.
6.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4 ПК-1	Пространственная структура биополимеров	PDB. Структура записи PDB. Визуализация, анализ структурных особенностей, моделирование, описание вторичной и третичной структуры белков с помощью программы RasMol. Предсказание параметров спирали ДНК. Предсказание и представление вторичной структуры РНК. Минимизация энергии вторичной структуры (динамическое программирование).
7.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5 ПК-1	Метаболические пути	Знакомство с базой знаний по систематическому анализу функций генов. Ознакомление с основными базами данных: метаболических путей (PATHWAY), генов (GENES), лигандов (LIGAND), экспериментальных данных по экспрессии генов (EXPRESSION и BRITE) и белков (SSDB). Сравнение метаболических путей различных организмов и их изменения в ходе эволюции.

## 5.2 Разделы дисциплины, виды учебной деятельности и формы текущего контроля

№	№ семестра	Наименование раздела дисциплины (модуля)	Виды деятельности (в часах)	Формы текущего
---	------------	--	-----------------------------	----------------

			Л	ЛР	ПЗ	СРО	всего	контроля успеваемости
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.	3	Введение в биоинформатику	4		10	10	24	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
2.	3	Базы данных	6		24	20	50	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
3.	3	Биоинформатические программы и сервисы	2		6	20	28	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
4.	4	Поиск гомологичных последовательностей	10		22	10	42	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
5.	4	Статистический анализ. MS-Excel	2		4	10	16	Устный опрос
6.	4	Пространственная структура биополимеров	8		10	10	28	Тесты, устный опрос.
7.	4	Метаболические пути	4		14	10	28	Тесты, устный опрос.
<b>ИТОГО:</b>			<b>36</b>		<b>90</b>	<b>90</b>	<b>216</b>	

### 5.3 Название тем лекций с указанием количества часов

№ п/п	Название тем лекций	Кол-во часов в семестре	
		№ 3	№ 4
1	2	3	
1.	Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты.	2	
2.	Центральная догма молекулярной биологии.	2	
3.	Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот. Геномные базы данных	2	
4.	Базы данных белковых последовательностей. Базы данных структур.	2	
5.	Базы данных метаболических путей. Таксономические и библиографические базы данных.	2	
6.	Уровни структурной организации белков. Полипептидная цепь белка.	2	
7.	Элементы вторичной структуры белка: $\alpha$ -спирали и $\beta$ -тяжи.	2	
8.	Доменная структура белков.	2	
9.	Глобулярная структура и взаимодействия, стабилизирующие ее.	2	
10.	Нуклеиновые кислоты. Химическая структура. Пространственная структура	4	

	ДНК и РНК.		
11.	Сравнительный анализ. Сравнение биологических текстов на примере аминокислотных последовательностей. Парные и множественные выравнивания. Локальные и глобальные выравнивания.		4
12.	BLAST - инструмент для быстрого поиска последовательностей в банках данных по гомологии.		2
13.	Эволюция молекул и организмов.		4
14.	Метаболические пути. Функции. Энциклопедия KEGG.		4
15.	<b>ИТОГО:</b>	22	14

#### 5.4. Название тем практических занятий с указанием количества часов

№ п/п	Название тем практических занятий	Кол-во часов в семестре	
		№ 3	№ 4
1	2	3	4
1.	Основные направления биоинформатики, в зависимости от исследуемых объектов. Основные инструменты.	4	
2.	Интернет. HTML. Поисковые системы	2	
3.	Средства работы с банком данных NCBI.	2	
4.	Типы баз данных.	2	
5.	Генетические базы данных. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые, производные, интегрированные).	4	
6.	FASTA - формат для записи последовательностей нуклеотидов и аминокислот.	2	
7.	Поиск последовательностей в банках данных по гомологии. BLAST.	4	
8.	<b>Итоговое модульное занятие №1</b>	2	
9.	Медицинская база данных о генах человека и связанных с ними генетическими заболеваниями OMIM.	2	
10.	Банки данных белковых последовательностей. UniProt.	2	
11.	PIR.	2	
12.	EMBL, TrEMBL.	2	
13.	PDB.	2	
14.	PFAM.	2	
15.	PubMed.	2	
16.	Пакеты прикладных программ.	4	
17.	RasMol. Вторичная и третичная структуры белков.	2	
18.	RasMol. Доменная структура белков.	2	
19.	Пространственная структура ДНК и РНК.	4	
20.	<b>Итоговое модульное занятие №2</b>	2	
21.	Возможности Excel (ввод данных, вычисления, формулы) на примере первичной последовательности белков. Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.		2
22.	Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.		4
23.	Сравнительный анализ. Выравнивания.		4
24.	Алгоритм глобального выравнивания последовательностей.		2

25.	Алгоритм локального выравнивания последовательностей.		2
26.	Алгоритмы множественного выравнивания последовательностей.		2
27.	Выравнивание белковых последовательностей.		4
28.	Выравнивание нуклеотидных последовательностей.		4
29.	<b>Итоговое модульное занятие №3</b>		2
30.	Функции генов и их продуктов. Онтологии. Классификация.		4
31.	Метаболические пути. KEGG.		4
32.	Сравнение метаболических путей различных организмов и их изменения в ходе эволюции.		4
33.	<b>Итоговое модульное занятие №4</b>		2
	<b>ИТОГО</b>	50	40

### 5.5. Лабораторный практикум не предусмотрен учебным планом

### 5.6. Самостоятельная работа обучающегося по дисциплине

№ п/п	№ семестра	Наименование раздела	Виды СРО	Всего часов
1	2	3	4	5
1.	3	Введение в биоинформатику	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
2.	3	Базы данных	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	20
3.	3	Биоинформатические программы и сервисы	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	20
4.	3	Поиск гомологичных последовательностей	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
5.	4	Статистический анализ. MS-Excel	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
6.	4	Пространственная структура биополимеров	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
7.	4	Метаболические пути	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
			<b>ИТОГО</b>	90

## 6. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

1. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины.
2. Набор вопросов и заданий для самоконтроля усвоения материала по дисциплине.

3. Методические указания к написанию реферата.

4. Комплект индивидуальных домашних заданий (кейс-технологии).

## **7. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики» в полном объеме представлен в Приложении 1.

Методические материалы, определяющие процедуру оценивания результатов освоения дисциплины «Базы данных и основные методы биоинформатики» в полном объеме представлены в «Положении о бально-рейтинговой системе», принятой Ученым Советом от 27.10.2015 протокол № 9.

## **8. ПЕРЕЧЕНЬ ОСНОВНОЙ И ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **8.1. Основная литература**

#### **Печатные источники**

<b>№</b>	<b>Издания</b>	<b>Количество экземпляров</b>
1	2	3
1	Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.	1

#### **Электронные источники**

<b>№</b>	<b>Издания</b>
1	2
<b>Основные источники</b>	
1	Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <a href="https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html">https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html</a>
2	Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <a href="https://e.lanbook.com/book/163915">https://e.lanbook.com/book/163915</a>
<b>Дополнительная литература</b>	
4	Сыромятников В. П. Структуры и алгоритмы обработки данных: Практикум. МИРЭА - Российский технологический университет. 2020. – 244 с. Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <a href="https://e.lanbook.com/book/314972">https://e.lanbook.com/book/314972</a>
5	Порозов Ю.Б. Биоинформатика. Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики. 2012. -52. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <a href="https://e.lanbook.com/book/43567">https://e.lanbook.com/book/43567</a>
6	Миронов А.А. Биоинформатика. 17 видеолекций, <a href="https://teach-in.ru/course/bioinformatics/lectnre">https://teach-in.ru/course/bioinformatics/lectnre</a>
7	Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Электронный ресурс] / ред. К.

Уилсон, Дж. Уолкер; пер. с англ. - 3-е изд. - М. : Лаборатория знаний, 2020. Методы в биологии ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <a href="https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785001017868.html">https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785001017868.html</a>
---

**Электронные образовательные ресурсы, используемые в процессе преподавания дисциплины:**

№ п/п	Наименование и краткая характеристика электронных образовательных и информационных ресурсов (электронных изданий и информационных баз данных)
<i>1</i>	<i>3</i>
1.	U.S. National Library of Medicine – <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed</a>
2.	Научный портал по биоинформатике – <a href="http://www.bioinformatix.ru/">http://www.bioinformatix.ru/</a>
3.	База данных генов и геномов GenBank – <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/index.html">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/index.html</a>
4.	База данных структур биологических макромолекул Protein Data Bank (PDB) – <a href="http://www.rcsb.org/pdb/">http://www.rcsb.org/pdb/</a>
5.	Программный пакет EMBOSS (The European Molecular Biology Open Software Suite) <a href="http://emboss.sourceforge.net/">http://emboss.sourceforge.net/</a>
6.	Сайт визуализации метаболических и сигнальных путей KEGG ( <a href="http://www.genome.jp/dbgetbin/show_pathway?hsa04010+5894">http://www.genome.jp/dbgetbin/show_pathway?hsa04010+5894</a> )
7.	База данных PPSEARCH ( <a href="http://www.ebi.ac.uk/Tools/ppsearch/">http://www.ebi.ac.uk/Tools/ppsearch/</a> ) (поиск мотивов в последовательностях и предсказание функции белка)
8.	База данных доменов и семейств белков PROSITE ( <a href="http://ca.expasy.org/prosite/">http://ca.expasy.org/prosite/</a> )

**9. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ»**

№ п/п	Сайты
1	Консультант студента, электронная библиотека высшего учебного заведения <a href="https://www.studentlibrary.ru/">https://www.studentlibrary.ru/</a>
2	Образовательный портал ФГБОУ ВО Саратовский ГМУ им. В.И. Разумовского <a href="http://el.sgmu.ru/">http://el.sgmu.ru/</a>
4	Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU <a href="https://elibrary.ru/">https://elibrary.ru/</a>
6	Политематическая реферативная и наукометрическая база данных Web of Science <a href="http://www.webofscience.com/">http://www.webofscience.com/</a>

**Перечень биоинформатических программ**

ACTjArtemis\_Comparison\_Tool) - геномный анализ.

Arlequin- анализ популяционно-генетических данных.

BioEdit- редактор множественного выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

BioNumerics- коммерческий универсальный пакет программ.

BLAST- поиск родственных последовательностей в базе данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

Clustal- множественное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

DnaSP- анализ полиморфизма последовательностей ДНК.

FigTree- редактор филогенетических деревьев.

Genepop- популяционно-генетический анализ.

Genetix- популяционно-генетический анализ (программа доступна только на французском языке).

JalView- редактор множественного выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.

MacClade- коммерческая программа для интерактивного эволюционного анализа данных

MEGA- молекулярно-эволюционный генетический анализ.  
Mesquite- программа для сравнительной биологии на языке.  
Java Muscle- множественное сравнение нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.  
Более быстрая и точная по сравнению с ClustalW.  
RAUP- филогенетический анализ с использованием метода парсимонии (и других методов)  
PHYLIP- пакет филогенетических программ.  
Phylo\_win- филогенетический анализ. Программа имеет графический интерфейс.  
PopGene- анализ генетического разнообразия популяций.  
Populations- популяционно-генетический анализ PSI.  
Protein\_Classifier - обобщение результатов, полученных с помощью программы PSI.  
BLAST Seaview- филогенетический анализ (с графическим интерфейсом).  
Sequin- депонирование последовательностей в GenBank, EMBL, DDBJ.  
SPAdes - сборщик бактериальных геномов SplitsTree.  
T-Coffee - множественное прогрессивное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Более чувствительное, чем в ClustalW/ClustalX..  
UGENE - свободный русскоязычный инструмент, множественное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, филогенетический анализ, аннотирование, работа с базами данных.  
Velvet - сборщик геномов.

Биоинформатика последовательностей:

FASTA формат предназначен для обозначения аминокислот и азотистых оснований;

Alignment - аминокислотных и нуклеотидных последовательностей в молекулах биополимерах - белках и нуклеиновых кислотах;

Программы для проведения выравнивания последовательностей:

Clustal <https://ru.wikipedia.org/wiki/Clustal>

ClustalW <https://ru.wikipedia.org/wiki/Clustal>.

## **10. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ**

### **ДИСЦИПЛИНЫ**

Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины «Базы данных и основные методы биоинформатики» представлены в Приложении 2.

## **11. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**

1. Адрес страницы кафедры: [www.sgmu.ru/info/str/depts/micro/](http://www.sgmu.ru/info/str/depts/micro/)
2. ЭБС «Консультант студента» <http://www.studentlibrary.ru/> ООО «Политехресурс» Контракт № 797КС/11-2022/414 от 21.12.2022, срок доступа до 31.12.2023.
3. ЭБС «Консультант врача» <http://www.rosmedlib.ru/> ООО «Высшая школа организации и управления здравоохранением - Комплексный медицинский консалтинг» Контракт № 762КВ/11-2022/413 от 21.12.2022, срок доступа до 31.12.2023
4. ЭБС IPRsmart <http://www.iprbookshop.ru/> ООО Компания «Ай Пи Ар Медиа» Лицензионный договор № 9193/22К/247 от 11.07.2022, срок доступа до 14.07.2023г.
5. Национальный цифровой ресурс «Рукоонт» <http://www.rucont.lib.ru> ООО Центральный коллектор библиотек "БИБКОМ" Договор № 418 от 26.12.2022, срок доступа до 31.12.2023
6. Образовательный портал СГМУ: <http://el.sgmu.ru/> – учебно-методические материалы, материалы для компьютерного тестирования, конспекты лекций, презентации, видео уроки.
7. Используемое программное обеспечение:

Перечень лицензионного программного обеспечения	Реквизиты подтверждающего документа
Microsoft Windows	40751826, 41028339, 41097493, 41323901, 41474839, 45025528, 45980109, 46073926, 46188270, 47819639, 49415469, 49569637, 60186121, 60620959, 61029925, 61481323, 62041790, 64238801, 64238803, 64689895, 65454057, 65454061, 65646520, 69044252 – срок действия лицензий – бессрочно.
Microsoft Office	40751826, 41028339, 41097493, 41135313, 41135317, 41323901, 41474839, 41963848, 41993817, 44235762, 45035872, 45954400, 45980109, 46073926, 46188270, 47819639, 49415469, 49569637, 49569639, 49673030, 60186121, 60620959, 61029925, 61481323, 61970472, 62041790, 64238803, 64689898, 65454057 – срок действия лицензий – бессрочно.
Kaspersky Endpoint Security, Kaspersky Anti-Virus	№ лицензии 2B1E-230301-122909-1-5885 с 2023-03-01 по 2024-03-10, количество объектов 3500.
CentOSLinux	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно
SlackwareLinux	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно
MoodleLMS	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно
DrupalCMS	Свободное программное обеспечение – срок действия лицензии – бессрочно

## 12. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики» представлено в приложении 3.

## 13. КАДРОВОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Сведения о кадровом обеспечении, необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики» представлены в приложении 4.

## 14. ИНЫЕ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ

Учебно-методические материалы, необходимые для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики»:

- Конспекты лекций по дисциплине;
- Методические разработки практических занятий для преподавателей по дисциплине;
- Оценочные материалы для проведения текущего контроля по дисциплине.

## ЛИСТ РЕГИСТРАЦИИ ИЗМЕНЕНИЙ В РАБОЧУЮ ПРОГРАММУ

Учебный год	Дата и номер изменения	Реквизиты протокола	Раздел, подраздел или пункт рабочей программы	Подпись регистрирующего изменения
20__-20__				
20__-20__				
20__-20__				
20__-20__				



Федеральное государственное бюджетное  
образовательное учреждение высшего образования  
«Саратовский государственный медицинский  
университет имени В. И. Разумовского»  
Министерства здравоохранения Российской Федерации

**УТВЕРЖДАЮ**

Декан фармацевтического факультета  
 Н.А. Дурнова

«21» июня 2023 г.

**ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ  
ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

<b>Дисциплина:</b>	<u>БАЗЫ ДАННЫХ И ОСНОВНЫЕ МЕТОДЫ БИОИНФОРМАТИКИ</u> (наименование дисциплины)
<b>Специальность:</b>	<u>06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика</u> (код и наименование специальности)
<b>Квалификация:</b>	<u>Биоинженер и биоинформатик</u> (квалификация (степень) выпускника)

## 1. КАРТА КОМПЕТЕНЦИЙ

Контролируемые компетенции	Планируемые результаты обучения
<p>УК-1</p> <p>Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, выработать стратегию действий.</p>	<p>ИД<sub>УК-1</sub>-1 Анализирует проблемную ситуацию как систему, выявляя ее составляющие и связи между ними</p> <p>ИД<sub>УК-1</sub>-2 Определяет пробелы в информации, необходимой для решения проблемной ситуации и проектирует процессы по их устранению</p> <p>ИД<sub>УК-1</sub>-3 Критически оценивает надежность источников информации, работает с противоречивой информацией из разных источников</p> <p>ИД<sub>УК-1</sub>-4 Разрабатывает и содержательно аргументирует стратегию решения проблемной ситуации на основе системного и междисциплинарного подходов</p>
<p>УК-2</p> <p>Способен управлять проектом на всех этапах его жизненного цикла.</p>	<p>ИД<sub>УК-2</sub>-1 Формулирует на основе поставленной проблемы проектную задачу и способ ее решения через реализацию проектного управления</p> <p>ИД<sub>УК-2</sub>-2 Разрабатывает концепцию проекта в рамках обозначенной проблемы: формулирует цель, задачи, обосновывает актуальность, значимость, ожидаемые результаты и возможные сферы их применения</p> <p>ИД<sub>УК-2</sub>-3 Планирует необходимые ресурсы, в том числе с учетом их заменяемости</p>
<p>УК-8</p> <p>Способен создавать и поддерживать в повседневной жизни и в профессиональной деятельности безопасные условия жизнедеятельности для сохранения природной среды, обеспечения устойчивого развития общества, в том числе при угрозе и возникновении чрезвычайных ситуаций и военных конфликтов.</p>	<p>ИД<sub>УК-8</sub>-3 Решает проблемы, связанные с нарушениями техники безопасности и участвует в мероприятиях по предотвращению чрезвычайных ситуаций на рабочем месте</p> <p>ИД<sub>УК-8</sub>-4 Разъясняет правила поведения при возникновении чрезвычайных ситуаций природного и техногенного происхождения, оказывает первую помощь, описывает способы участия в восстановительных мероприятиях</p>
<p>ОПК-4</p> <p>Применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость</p>	<p>ИД<sub>ОПК-4</sub>-1 Знает и понимает основы генетики, токсикологии и биохимии в рамках прикладного применения в области биоинженерии; терминологию, используемую в генетической и клеточной инженерии; основные методы получения рекомбинантных молекул ДНК, способы внедрения рекомбинантных молекул в исследуемые организмы и получение штаммов микроорганизмов и клеточных линий со стабильной экспрессией чужеродных генов; технологию культивирования изолированных клеток и тканей; основы создания и действия противовирусных вакцин и препаратов; подходы к использованию вирусов в биоинженерии и медицине; принципы медико-биологической и генетической оценки генно-инженерно-модифицированных организмов.</p>

<p>исследования.</p>	<p>ИД<sub>ОПК-4.-2</sub> Умеет: подбирать оптимальные практические пути использования рекомбинантных ДНК и культур клеток и тканей для решения типичных задач профессиональной области; интерпретировать и оценивать экспериментальную информацию по биологическим объектам; оценивать степень риска работы с генно-инженерными объектами; выбирать подход к созданию биоинженерных конструкций на основе вирусов и оценивать целесообразность использования вирусов для выполнения биоинженерных задач; обосновывать использование различных методов исследования в сферах биоинженерной практики.</p> <p>ИД<sub>ОПК-4.-3</sub> Имеет практический опыт: применения методов получения рекомбинантных молекул in vitro, внедрения рекомбинантной ДНК в клетки про- и эукариот; исследований безопасности отдельных видов биоинженерной продукции.</p>
<p>ОПК-5 Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа.</p>	<p>ИД<sub>ОПК-5.-1</sub> Знает основы биоинформатики; последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; механизмы сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных геномами.</p> <p>ИД<sub>ОПК-5.-2</sub> Умеет получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации.</p> <p>ИД<sub>ОПК-5.-3</sub> Имеет практический опыт применения современных методов программирования, навыков работы с биоинформационными ресурсами.</p>
<p>ПК-1 Способен планировать, организовывать, реализовывать законченные научно-исследовательские проекты в области биоинформатики.</p>	<p>ИД<sub>ПК-1.-1.</sub> Способен изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования</p> <p>ИД<sub>ПК-1.-2.</sub> Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой</p> <p>ИД<sub>ПК-1.-3.</sub> Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам</p> <p>ИД<sub>ПК-1.-4.</sub> Участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов</p> <p>ИД<sub>ПК-1.-5.</sub> Использует методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях</p>

## 2. ПОКАЗАТЕЛИ ОЦЕНИВАНИЯ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

Семестры	Шкала оценивания			
	«неудовлетворительно»	«удовлетворительно»	«хорошо»	«отлично»
<b>знать</b>				
3,4	Студент не способен самостоятельно выделять главные положения в изученном материале дисциплины. Не знает основные базовые алгоритмы выравнивания, алгоритмы поиска в базах последовательностей, методы секвенирования и основные программы анализа данных секвенирования.	Студент усвоил основное содержание материала дисциплины, но имеет пробелы в усвоении материала, не препятствующие дальнейшему усвоению учебного материала. Имеет несистематизированные знания о базовые алгоритмах выравнивания, алгоритмах поиска в базах последовательностей, методах секвенирования и основных программах анализа данных секвенирования.	Студент способен самостоятельно выделять главные положения в изученном материале. Знает базовые алгоритмы выравнивания, алгоритмы поиска в базах последовательностей, методы секвенирования и основные программы анализа данных секвенирования.	Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала дисциплины. Знает базовые алгоритмы выравнивания, алгоритмы поиска в базах последовательностей, методы секвенирования и основные программы анализа данных секвенирования.
<b>уметь</b>				
3,4	Студент не умеет правильно использовать основные термины и понятия извлекать необходимую информацию из баз данных для решения профессиональных задач в области биоинформатики.	Студент испытывает затруднения при извлечении необходимой информации из баз данных для решения профессиональных задач в области биоинформатики.	Студент умеет самостоятельно использовать основные термины и понятия биоинформатики, извлекать необходимую информацию из баз данных для решения профессиональных задач в области биоинформатики.	Студент умеет последовательно и свободно использовать основные термины и понятия биоинформатики, извлекать необходимую информацию из баз данных для решения профессиональных задач в области биоинформатики.
<b>владеть</b>				
3,4	Студент не владеет навыком поиска баз данных, адекватных поставленным задачам,	Студент владеет слабым навыком поиска баз данных, адекватных поставленным задачам, навыком анализа	Студент владеет знаниями всего изученного программного материала, материал излагает последовательно, но допускает	Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику

	<p>навыком анализа выравниваний, оценки адекватности и значимости выравниваний, навыком построение плана работ по анализу данных секвенирования, подготовки образцов и анализа получаемых данных.</p>	<p>выравниваний, оценки адекватности и значимости выравниваний, навыком построение плана работ по анализу данных секвенирования, подготовки образцов и анализа получаемых данных.</p>	<p>незначительные ошибки и недочеты при воспроизведении изученного материала. Студент владеет навыком поиска баз данных, адекватных поставленным задачам, навыком анализа выравниваний, оценки адекватности и значимости выравниваний, навыком построение плана работ по анализу данных секвенирования, подготовки образцов и анализа получаемых данных.</p>	<p>основным идеям проработанного материала. Студент свободно владеет навыком поиска баз данных, адекватных поставленным задачам, навыком анализа выравниваний, оценки адекватности и значимости выравниваний, навыком построение плана работ по анализу данных секвенирования, подготовки образцов и анализа получаемых данных.</p>
--	---	---	--	---

### **3. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ ПО ДИСЦИПЛИНЕ «БИОИНФОРМАТИКА»**

#### **3.1. Вопросы для проведения промежуточной аттестации по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики»**

1. Понятие биоинформатики. Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты.
2. Основные направления биоинформатики, в зависимости от исследуемых объектов. Основные инструменты.
3. Основы структур баз данных (записи, поля, объекты).
4. Классификация баз данных.
5. Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые).
6. Архивные базы данных (GeneBank, EMBL, PDB).
7. Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB.
8. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п.
9. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).
10. Метаболические базы данных.
11. Генетические банки (физические карты, OMIM).
12. База данных коротких генетических вариаций (SNP).
13. Основные форматы файлов биологических баз данных.
14. Общие принципы работы с веб-сервисами.
15. Анализ последовательностей биологических полимеров.
16. Возможности BLAST по поиску последовательностей биологических полимеров.
17. Расширенный поиск с применением алгоритмов семейства BLAST.
18. Предсказание физико-химических свойств белков на основании аминокислотных последовательностей.
19. Предсказание особых типов структур и свойств белков.
20. Крупные репозитории веб-сервисов.
21. Выравнивание белковых и нуклеотидных последовательностей.
22. Программы для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности.
23. Функциональные особенности основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn),
24. Функциональные особенности основных групп программ: белковые (blastp, cdart, gpsblast, psi-blast, phi-blast),
25. Функциональные особенности основных групп программ: транскрибирующие (blastx, tblastn, tblastx),
26. Функциональные особенности основных групп программ: геномные и специальные (bl2seq, VecScreen).
27. Визуализация, анализ структурных особенностей, моделирование, описание вторичной и третичной структуры белков с помощью программы RasMol.
28. NCBI, структура, функции.
29. Интернет. HTML. Поисковые системы.

30. Изучение возможностей Excel (ввод данных, вычисления, формулы). Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.
31. Знакомство с редактором химических формул ChemSketch. Функциональные возможности, создание графических иллюстраций формул сложных органических соединений и химических реакций.
32. PDB. Структура записи PDB. Визуализация, анализ структурных особенностей, моделирование, предсказание вторичной и третичной структуры белков с помощью программы RasMol.
33. Основные базы данных метаболических путей (PATHWAY),
34. Основные базы данных генов (GENES),
35. Основные базы данных лигандов (LIGAND),
36. Основные базы экспериментальных данных по экспрессии генов (EXPRESSION и BRITE) и белков (SSDB).
37. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).
38. Выравниванием биологических последовательностей.
39. Глобальное выравнивание последовательностей.
40. Локальное выравнивание последовательностей.
41. Поиск мотивов совпадения при выравнивании последовательностей.
42. Множественное выравнивание.
43. Взвешенные последовательности. Профиль выравнивания.
44. Преимущество программы PSI-BLAST по сравнению с профилями выравниваний.
45. Точечная матрица сходства, её использование.
46. Сходства и различия графа и орграфа.
47. Оптимальное выравнивание, его отличия от субоптимального.
48. Методы статистической оценки значимости выравниваний.
49. Филогенетический анализ.
50. Филогенетические деревья. Методы кластеризации.
51. Реконструкция филогенетических деревьев.
52. Алгоритмы построения филогенетических деревьев.
53. Технологии секвенирования.
54. Технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS), обработка их данных и применение результатов в медицинской и научной практике.
55. Сборка генома. Понятие о сборках генома de-novo и по референсу.

### **3.2. Кейс-технологии для проведения промежуточной аттестации по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики»**

1. Последовательность белка обратной транскриптазы вируса иммунодефицита человека имеет идентификатор NP\_057849. Найдите гомологи этого белка.
2. Постройте множественное выравнивание из предыдущего задания.
3. Проведите филогенетический анализ семейства глобинов. В качестве исходной последовательности используйте NP\_000509 (бета-глобин человека).
4. Используйте доменную организацию белка HIV-1 gag-pol. Используйте базу данных PDB, идентификатор 4V3O:
  - a. какие домены (Pfam, CATH) присутствуют в белке gag-pol.
  - b. какие домены и мотивы присутствуют в обратной транскриптазе этого белка.
  - c. какие модификации обратной транскриптазы описаны.

- d. рассмотрите 3D- структуру комплекса обратной транскриптазы с ДНК, сохраните изображение.
  - e. сравните вторичную структуру данного белка из базы данных PDB со вторичной структурой из базы данных DSSP.
5. Используя базу данных PDB найдите трансмембранный белок с аннотированными трансмембранными фрагментами. Скачайте аминокислотную последовательность белка в формате FASTA. Предскажите двумя разными методами распределение ТМ-участков, сравните результаты.
  6. Представьте информацию о rs760934779, rs10345, Используйте dbSNP.  
Параметры для описания rs:
    - Официальное название гена
    - Тип мутации (вариации), размещение в геноме (NG - геном, NP - белок) в соответствии с последней сборкой генома (GRCh38.p13)
    - Положение в геноме / хромосоме
    - Аллельные варианты
    - Частота в различных популяциях
    - Клиническое значение
    - Количество доступных публикаций
  7. Представьте информацию о генах: HBB, GN1. Используйте базу данных Gene. Параметры описания:
    - Полное название гена
    - Тип гена
    - Место расположения в хромосоме
    - Место расположения в геноме (в соответствии с последней сборкой генома)
    - Продукт гена
  8. Найдите с помощью сервиса NCBI структуру гемоглобина.
  9. Расшифруйте запись: g.123A> G
  10. Сравните для человеческой эластазы файлы, найденные в категориях «белки» и «нуклеотиды» NCBI. Определите общие для двух файлов функции.

### **3.3. Комплект тестовых вопросов для проведения промежуточной аттестации по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики»**

1. Какая из перечисленных ниже программ используется для множественного выравнивания последовательностей ДНК и белков?

- A. ClustalW
- Б. BLAST
- В. DALI
- Г. CASP

2. Контиг – это

- A. набор перекрывающихся фрагментов ДНК, которые в совокупности представляют собой консенсусную область ДНК
- Б. локусы с варьирующим числом tandemных повторов
- В. полиморфизм коротких tandemных повторов
- Г. короткий, секвенированный участок ДНК, локализованный в строго определенной области генома

3. Алгоритм BLAST используется для

- А. Поиска в больших базах данных последовательностей, схожих с некой заданной последовательностью
- Б. Выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей
- В. Нахождения сходных участков двух последовательностей
- Г. Нахождения консервативных участков в наборе гомологичных последовательностей

4. Выравнивание – это:

- А. сравнение последовательностей в поиске идентичных серий символов
- Б. сравнение последовательностей нуклеотидов с «липкими концами»
- В. сравнение аминокислотных последовательностей белков по длине
- Г. сравнение нуклеотидных последовательностей по длине

5. Банк, в котором хранится информация о последовательностях аминокислот

- А. UNIPROT
- Б. GenBank
- В. PRIDE
- Г. Pfam

6. Банк, в котором хранится информация о структуре белков

- А. PDB
- Б. GenBank
- В. PRIDE
- Г. Pfam

7. Банк, в котором хранится информация о нуклеотидных последовательностях

- А. GenBank
- Б. UNIPROT
- В. PDB
- Г. PRIDE

8. Чем является NCBI-Entrez

- А. Центральной поисковой системой
- Б. Банком аминокислотных последовательностей
- В. Банком нуклеотидных последовательностей
- Г. Банком белковых структур

9. Российская библиографическая база данных

- А. E-Library
- Б. PubMed
- В. Medline
- Г. WOS

10. Сколько букв обозначает одну аминокислоту в FASTA-формате

- А. Одна
- Б. Две
- В. Три
- Г. Четыре

11. Aligment-это

- А. Выравнивание аминокислотных и нуклеотидных последовательностей
- Б. Моделирование пространственной структуры белков
- В. Программа для визуализации результатов выравнивания
- Г. Алгоритм поиска в больших базах последовательностей

12. Гэпы-это

- А. Промежутки между аминокислотами при выравнивании последовательностей называются
- Б. Схожие аминокислоты
- В. Идентичные аминокислоты
- Г. Ароматические аминокислоты

13. Какой тип выравнивания используется для нахождения сходных участков двух последовательностей

- А. Парное выравнивание
- Б. Глобальное выравнивание
- В. Локальное выравнивание
- Г. Множественное выравнивание

14. Какой тип выравнивания может быть использован для проверки последовательностей на гомологию

- А. Глобальное выравнивание
- Б. Множественное выравнивание
- В. Парное выравнивание
- Г. Локальное выравнивание

15. Какой тип выравнивания использует части последовательностей, на которых прогнозируется максимальная гомология

- А. Локальное выравнивание
- Б. Парное выравнивание
- В. Глобальное выравнивание
- Г. Множественное выравнивание

16. Какой тип выравнивания применяется для нахождения консервативных участков в наборе гомологичных последовательностей

- А. Множественное выравнивание
- Б. Парное выравнивание
- В. Глобальное выравнивание
- Г. Локальное выравнивание

17. Какой тип выравнивания используется для сопоставления пространственного строения белков

- А. Структурное выравнивание
- Б. Парное выравнивание
- В. Глобальное выравнивание
- Г. Локальное выравнивание

18. Алгоритм BLAST используется для

- А. Поиска в больших базах данных последовательностей, схожих с некой заданной последовательностью
- Б. Выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей
- В. Нахождения сходных участков двух последовательностей
- Г. Нахождения консервативных участков в наборе гомологичных последовательностей

19. Какая разновидность BLAST предназначена для сравнения изучаемой нуклеотидной последовательности с базой данных секвенированных геномов и их участков:

- А. Megablast
- Б. Blastp
- В. PSI-BLAST
- Г. Blastx

20. Какая разновидность BLAST предназначена для сравнения изучаемой аминокислотной последовательности белка с имеющейся базой данных белков и их фрагментов
- А. Blastp
  - Б. Megablast
  - В. Blastn
  - Г. Blastx
21. Какой раздел биоинформатики занимается визуальным моделированием пространственного строения белков
- А. Структурная биоинформатика
  - Б. Биоинформатика последовательностей
  - В. Компьютерная геномика
  - Г. Транскриптомика
22. Что стимулировало зарождение новых наук о жизни (-омик)
- А. Проект «Геном человека»
  - Б. Модель строения ДНК в виде двойной спирали
  - В. Появление сети ИНТЕРНЕТ
  - Г. Открытие генетического кода
23. К задачам биоинформатики последовательностей относится
- А. Построение множественных выравниваний
  - Б. Определение участков белковой молекулы, важных для той или иной функции данного белка
  - В. Сравнительный анализ структур родственных белков, классификация белков на основе их пространственной структуры
  - Г. Анализ структур комплексов двух или нескольких молекул белка, комплексов молекул белка с другими молекулами; предсказание воздействия молекул химических веществ на молекулы белков
24. SNP-типирование — это анализ
- А. однонуклеотидных полиморфизмов
  - Б. аффинности титра иммуноглобулинов класса G
  - В. экспрессии белка
25. OMIM может быть использован как:
- А. способ облегчить диагностику пациентов используя клинические и фенотипические признаки
  - Б. инструмент поиска клинической патологии, не связанной с наследованием
  - В. справочник фенотипических вариаций
  - Г. справочник по классификации болезней

### **Методические указания при подготовке к устному ответу:**

Методические указания при подготовке к устному ответу студент должен пользоваться лекционным материалом, современными литературными данными; уметь осмыслить материал и изложить его в доступной грамотной форме.

**Критерии оценивания результатов освоения дисциплины «Базы данных и основные методы биоинформатики»:**

5 баллов выставляется обучающемуся, если дан правильный ответ на 90-100% вопросов;

4 балла выставляется обучающемуся, если дан правильный ответ на 80-89% вопросов;

3 балла выставляется обучающемуся, если дан правильный ответ на 70-79% вопросов;

2 балла выставляется обучающемуся, если дан правильный ответ на 69% и менее вопросов.

Критерии оценивания: при демонстрации студентом полного понимания вопроса и четкой формулировке ответа выставляется оценка «5», при неполном понимании вопроса и затруднениях в четкой формулировке ответа - оценка «4», при частичном понимании вопроса и значительных затруднениях в формулировке ответа – оценка «3», при полном отсутствии понимания вопроса и ответа на него - оценка «2».



Федеральное государственное бюджетное  
образовательное учреждение высшего образования  
«Саратовский государственный медицинский  
университет имени В. И. Разумовского»  
Министерства здравоохранения Российской Федерации

**КАФЕДРА МИКРОБИОЛОГИИ, ВИРУСОЛОГИИ И ИММУНОЛОГИИ**

**МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ  
ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ**

Дисциплина	<b>«Базы данных и основные методы биоинформатики»</b>		
Специальность	<b>06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика</b>		
Форма обучения	<b>очная</b>		
Курс	<b>2</b>	Семестр	<b>3</b>

**Составители:** доцент кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии,  
к.м.н. Т.А. Кульшань

Одобрены на заседании учебно-методической конференции кафедры  
протокол от «25» мая 2023 г. № 4

## **1. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ К ПРАКТИЧЕСКИМ ЗАНЯТИЯМ**

### **Практическое занятие № 1-2**

**Тема:** Основные направления биоинформатики, в зависимости от исследуемых объектов.

Основные инструменты.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Цели и задачи биоинформатики.
2. Перспективы применения биоинформатики.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Дайте определение биоинформатики.
2. Какую дату можно считать датой выделения биоинформатики в отдельную научную область?
3. В чём состоят специфические особенности биоинформационных данных?
4. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
5. Где хранятся биоинформационные данные?
6. Какие три компонента включает в себя предмет биоинформатики?
7. Каковы цели биоинформатики?
8. Какие задачи стоят перед биоинформатикой?
9. В каких видах деятельности реализуется предмет биоинформатики?
10. Какую роль играет анализ гомологических последовательностей в расшифровке биологической информации?
11. Каким образом биоинформатика способствует разработке лекарственных препаратов?
12. Какие области биоинформатики нуждаются в защите интеллектуальной собственности?

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 3**

**Тема:** Интернет. HTML. Поисковые системы

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Интернет. Определение. Основные сервисы. Основные виды поиска.
2. HTML.
3. Поисковые системы.
4. Интернет-компоненты биоинформатики.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Что такое интернет?
2. Основные виды поиска?
3. Поисковые системы.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.

2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>

3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 4**

**Тема:** Средства работы с банком данных NCBI.

##### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Задачи и цели NCBI.
2. Знакомство с NCBI.

##### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Что такое NCBI и какой браузер используется в сети NCBI?

##### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.

2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>

3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 5**

**Тема:** Типы баз данных.

##### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Типы баз данных.
2. Назначение, функционал.

##### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие типы баз данных известны?
2. Области применения баз данных.

##### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.

2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>

3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 6-7**

**Тема:** Генетические базы данных. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые, производные, интегрированные).

##### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Генетические базы данных.
2. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые, производные, интегрированные).

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Базы данных нуклеотидных последовательностей
2. База данных GenBank. Структура файла
3. Автоматические базы данных
4. Архивные базы данных
5. Курируемые базы данных
6. Производные базы данных
7. Интегрированные базы данных

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

**Практическое занятие № 8**

**Тема:** FASTA - формат для записи последовательностей нуклеотидов и аминокислот.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Файл данных в формате FASTA.
2. Структура последовательности в формате FASTA.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Что такое формат FASTA?
2. Структура формата FASTA.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

**Практическое занятие № 9**

**Тема:** Поиск последовательностей в банках данных по гомологии. BLAST.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Методы поиска в базах данных.
2. Программа BLAST.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Что такое ложные отрицательные и ложные положительные результаты поиска?

2. Для чего предназначена программа BLAST?
3. Что такое nucleotide blast?
4. Перечислите алгоритмы, которые используются в nucleotide blast.
5. Что такое protein blast?
6. Перечислите алгоритмы, которые используются в protein blast.
7. Что такое blastx?
8. Что такое tblastn?
9. Что такое tblastx?
10. Что такое megablast?
11. Что такое psi-blast?

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 10**

##### **Тема: Итоговое модульное занятие №1**

##### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Дайте определение биоинформатики.
  2. Какую дату можно считать датой выделения биоинформатики в отдельную научную область?
  3. В чём состоят специфические особенности биоинформационных данных?
  4. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
  5. Где хранятся биоинформационные данные?
  6. Какие три компонента включает в себя предмет биоинформатики?
  7. Каковы цели биоинформатики?
  8. Какие задачи стоят перед биоинформатикой?
  9. В каких видах деятельности реализуется предмет биоинформатики?
  10. Какую роль играет анализ гомологических последовательностей в расшифровке биологической информации?
  11. Каким образом биоинформатика способствует разработке лекарственных препаратов?
  12. Какие области биоинформатики нуждаются в защите интеллектуальной собственности?
1. Что такое интернет?
  2. Основные виды поиска?
  3. Поисковые системы.
1. Что такое NCBI и какой браузер используется в сети NCBI?
  3. Какие типы баз данных известны?
  4. Области применения баз данных.
  5. Базы данных нуклеотидных последовательностей
  6. База данных GenBank. Структура файла
  7. Автоматические базы данных

8. Архивные базы данных
9. Курируемые базы данных
10. Производные базы данных
11. Интегрированные базы данных
12. Что такое формат FASTA?
13. Структура формата FASTA.
14. Что такое ложные отрицательные и ложные положительные результаты поиска?
15. Для чего предназначена программа BLAST?
16. Что такое nucleotide blast?
17. Перечислите алгоритмы, которые используются в nucleotide blast.
18. Что такое protein blast?
19. Перечислите алгоритмы, которые используются в protein blast.
20. Что такое blastx?
21. Что такое tblastn?
22. Что такое tblastx?
23. Что такое megablast?
24. Что такое psi-blast?

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 11**

**Тема:** Медицинская база данных о генах человека и связанных с ними генетическими заболеваниями OMIM.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. OMIM
2. Структура базы. Функции.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие молекулярно-генетические данные представлены в базе OMIM.
2. Какова структура базы?

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

## **Практическое занятие № 12**

**Тема:** Базы данных белковых последовательностей. UniProt.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Базы данных белковых последовательностей.
2. Основные белковые базы данных.
3. Формат записей аминокислотных последовательностей.

### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие белковые базы данных известны?
2. Какова структура белковых баз?
3. Каков формат аминокислотных последовательностей?

### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

## **Практическое занятие № 13**

**Тема:** PIR.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. PIR.
2. Формат записей аминокислотных последовательностей.
3. Особенности и функции PIR.

### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. К какому типу данных относится база PIR?
2. Каков формат аминокислотных последовательностей?

### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

## **Практическое занятие № 14**

**Тема:** EMBL, TrEMBL.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Консорциум «UNIPROT»
2. EMBL, TrEMBL
3. Формат записей аминокислотных последовательностей.

4. Особенности и функции.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. К какому типу данных относятся EMBL, TrEMBL?
2. Каков формат аминокислотных последовательностей?
3. Особенности и функции EMBL, TrEMBL.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

**Практическое занятие № 15**

**Тема:** PDB.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. PDB.
2. Формат записей аминокислотных последовательностей.
3. Особенности и функции PDB.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. К какому типу данных относятся PDB?
2. Каков формат аминокислотных последовательностей?
3. Особенности и функции PDB.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

**Практическое занятие № 16**

**Тема:** PDB.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. PDB.
2. Формат записей аминокислотных последовательностей.
3. Особенности и функции PDB.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. К какому типу данных относятся PDB?
2. Каков формат аминокислотных последовательностей?
3. Особенности и функции PDB.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 17**

**Тема:** PFAM.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. PFAM.
2. Формат записей аминокислотных последовательностей.
3. Особенности и функции PFAM.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. К какому типу данных относятся PFAM?
2. Каков формат аминокислотных последовательностей?
3. Особенности и функции PFAM.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 18**

**Тема:** PubMed.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. PubMed.
2. Формат записей аминокислотных последовательностей.
3. Особенности и функции PubMed.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. К какому типу данных относятся PubMed?
2. Каков формат аминокислотных последовательностей?
3. Особенности и функции PubMed.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс.

2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 19-20**

**Тема:** Пакеты прикладных программ.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Пакеты прикладных программ.
2. Виды пакетов прикладных программ.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие пакеты прикладных программ для биоинформатике применяются?
2. Особенности и функции прикладных программ.
3. Виды пакетов прикладных программ.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 21**

**Тема:** RasMol. Вторичная и третичная структуры белков.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. RasMol. Программа визуализации молекул.
2. Вторичная и третичная структуры белков.
3. Методы предсказания структуры белка.
4. Проблема расшифровки белковых структур.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Особенности и функции программы визуализации молекул RasMol.
2. Вторичная структура белка.
3. Третичная структура белка.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 22**

**Тема:** RasMol. Доменная структура белков.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. RasMol. Программа визуализации молекул.
2. Доменная структура белков.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Особенности и функции программы визуализации молекул RasMol.
2. Особенности доменной структуры белков.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

**Практическое занятие № 23-24**

**Тема:** Пространственная структура ДНК и РНК.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Построение пространственных структур ДНК.
2. Средства для работы со структурами нуклеиновых кислот

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Пространственная структура ДНК и РНК.
2. Средства для работы со структурами нуклеиновых кислот

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

**Практическое занятие № 25**

**Тема:** Итоговое модульное занятие №2

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие молекулярно-генетические данные представлены в базе OMIM.
2. Какова структура базы?
3. Какие белковые базы данных известны?
4. Какова структура белковых баз?
5. Каков формат аминокислотных последовательностей?
6. К какому типу данных относится база PIR?
7. Каков формат аминокислотных последовательностей?
8. К какому типу данных относятся EMBL, TrEMBL?
9. Каков формат аминокислотных последовательностей?
10. Особенности и функции EMBL, TrEMBL.

11. К какому типу данных относятся PDB?
12. Каков формат аминокислотных последовательностей?
13. Особенности и функции PDB.
14. К какому типу данных относятся PFAM?
15. Каков формат аминокислотных последовательностей?
16. Особенности и функции PFAM.
17. К какому типу данных относятся PubMed?
18. Каков формат аминокислотных последовательностей?
19. Особенности и функции PubMed.
20. Какие пакеты прикладных программ для биоинформатике применяются?
21. Особенности и функции прикладных программ.
22. Виды пакетов прикладных программ.
23. Особенности и функции программы визуализации молекул RasMol.
24. Вторичная структура белка.
25. Третичная структура белка.
26. Особенности и функции программы визуализации молекул RasMol.
27. Особенности доменной структуры белков.
28. Пространственная структура ДНК и РНК.
29. Средства для работы со структурами нуклеиновых кислот

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 26**

**Тема:** Возможности Excel (ввод данных, вычисления, формулы) на примере первичной последовательности белков. Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Возможности Excel (ввод данных, вычисления, формулы) на примере первичной последовательности белков. Построение пространственных структур ДНК.
2. Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какими возможностями обладает Excel.
2. Применение Excel для первичной последовательности белков. Построение пространственных структур ДНК.
3. Применение Excel для определения аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 27-28**

**Тема:** Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Классификация белковых структур.
2. Предсказание и моделирование белковых структур.
3. Предсказание вторичной структуры.
4. Моделирование по гомологии.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие две причины не позволяют предсказать структуру белка, опираясь только на основные физические принципы?
2. Разность между какими двумя противоположными вкладами определяет энергию стабилизации белка?
3. Почему кумулятивные ошибки при суммировании огромного количества индивидуальных вкладов атомов в общую энергию стабилизации не позволяют предсказать структуру белка опираясь только на основные физические принципы?
4. Какой альтернативный подход используется для предсказания структуры белка, если для данного белка не известны подходящие гомологи?

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 29-30**

**Тема:** Сравнительный анализ. Выравнивания.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Применение выравнивания в биоинформатике.
2. Значимость выравниваний.
3. Классификация выравниваний.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Что называется выравниванием биологических последовательностей?
2. Какие три статистических параметра используют для оценки значимости выравнивания?

### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 31**

**Тема:** Алгоритм глобального выравнивания последовательностей.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Выравнивание последовательностей.
2. Глобальное выравнивание.
3. Значимость выравниваний.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Особенности глобального выравнивания.
2. Используя матрицу замен аминокислот BLOSUM62 и фиксированный штраф за пропуски  $d = 8$ , методом Нидлмана-Вунша построить глобальное выравнивание двух фрагментов (и вычислить его счёт (вес)).

### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 32**

**Тема:** Алгоритм глобального выравнивания последовательностей.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Выравнивание последовательностей.
2. Локальное выравнивание.
3. Значимость выравниваний.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какие существуют два отличия алгоритма локального выравнивания от алгоритма глобального выравнивания?
2. Что такое k-кортеж?
3. Какие три статистических параметра используют для оценки значимости выравнивания?

### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 33**

**Тема:** Алгоритмы множественного выравнивания последовательностей.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Выравнивание последовательностей.
2. Множественное выравнивание.
3. Методы множественных выравниваний.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Что называется множественным выравниванием?
2. Какой вид аннотации множественного выравнивания использует программа ClustalW?
3. Что такое профиль выравнивания?
4. В чём преимущество программы PSI-BLAST по сравнению с профилями выравниваний?
5. Какой процесс называют Марковским?

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 34-35**

**Тема:** Выравнивание белковых последовательностей.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Выравнивание белковых последовательностей.
2. Методы выравниваний белковых последовательностей.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Методы выравнивания белковых последовательностей.
2. Инструменты, применяемые в биоинформатике для выравнивания белковых последовательностей.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>

3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 36-37**

**Тема:** Выравнивание нуклеотидных последовательностей.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Выравнивание нуклеотидных последовательностей.
2. Методы выравниваний нуклеотидных последовательностей.

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Методы выравнивания нуклеотидных последовательностей.
2. Инструменты, применяемые в биоинформатике для выравнивания нуклеотидных последовательностей.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

### **Практическое занятие № 38**

**Тема:** Итоговое модульное занятие №3

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Какими возможностями обладает Excel.
2. Применение Excel для первичной последовательности белков. Построение пространственных структур ДНК.
3. Применение Excel для определения аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.
4. Какие две причины не позволяют предсказать структуру белка, опираясь только на основные физические принципы?
5. Разность между какими двумя противоположными вкладами определяет энергию стабилизации белка?
6. Почему кумулятивные ошибки при суммировании огромного количества индивидуальных вкладов атомов в общую энергию стабилизации не позволяют предсказать структуру белка опираясь только на основные физические принципы?
7. Какой альтернативный подход используется для предсказания структуры белка, если для данного белка не известны подходящие гомологи?
8. Что называется выравниванием биологических последовательностей?
9. Какие три статистических параметра используют для оценки значимости выравнивания?
10. Особенности глобального выравнивания.
11. Какие существуют два отличия алгоритма локального выравнивания от алгоритма глобального выравнивания?

12. Что такое k-кортеж?
13. Какие три статистических параметра используют для оценки значимости выравнивания?
14. Что называется множественным выравниванием?
15. 2. Какой вид аннотации множественного выравнивания использует программа ClustalW?
16. Что такое профиль выравнивания?
17. В чём преимущество программы PSI-BLAST по сравнению с профилями выравниваний?
18. Методы выравнивания белковых последовательностей.
19. Инструменты, применяемые в биоинформатике для выравнивания белковых последовательностей.
20. Методы выравнивания нуклеотидных последовательностей.
21. Инструменты, применяемые в биоинформатике для выравнивания нуклеотидных последовательностей.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 39**

**Тема:** Функции генов и их продуктов. Онтологии. Классификация.

#### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Функции генов и их продуктов.
2. Онтологии. Классификация.
3. Функциональная геномика

#### **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Чем занимается функциональная геномика?
2. Онтологии. Классификация.

#### **Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 40**

**Тема:** Метаболические пути. KEGG.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Метаболические пути.
2. KEGG.
3. Сравнение метаболических путей у разных организмов.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Основные базы данных KEGG.
2. Функции баз данных KEGG.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 41**

**Тема:** Сравнение метаболических путей различных организмов и их изменения в ходе эволюции. **Перечень рассматриваемых вопросов:**

- 1.
2. Сравнение метаболических путей у разных организмов.

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Метаболические пути.
2. Инструменты для сравнения метаболических путей у разных организмов.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

#### **Практическое занятие № 42**

**Тема:** Итоговое модульное занятие №4

**Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**

1. Чем занимается функциональная геномика?
2. Онтологии. Классификация.
3. Основные базы данных KEGG.
4. Функции баз данных KEGG.
5. Метаболические пути.
6. Инструменты для сравнения метаболических путей у разных организмов.

**Рекомендуемая литература.**

1. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
2. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика. Москва: ГЭОТАРМедиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>
3. Компо Ф., Певзнер П. Алгоритмы биоинформатики. Издательство "ДМК Пресс. 2023. - 682 с. ISBN 978-5-93700-175-7. - Текст: электронный // ЭБС "Лань": [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/163915>

## **2. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОРГАНИЗАЦИИ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **Внеаудиторная самостоятельная работа студентов включает:**

1. Подготовку к практическим занятиям, которая производится в соответствии с планом практических занятий по вопросам для самоподготовки к освоению данной темы
2. Подготовку к итоговому тестированию
3. Защиту реферата

### **Защита реферата**

#### **Требования к выполнению реферата.**

Реферат открывается титульным листом, где указывается полное название университета, факультета, кафедры, тема, фамилия автора и руководителя, место (город) и год написания. На следующей странице, которая нумеруется сверху номером «2», обязательно помещается оглавление с точным названием каждой главы и указанием начальных страниц.

Общий объем работы не должен превышать 15 страниц печатного текста. Абзац должен равняться 1,25 см. Поля страницы: левое - 3 см, правое - 1,5 см, нижнее 2 см, верхнее - 2 см до номера страницы. Текст печатается через 1,5 интервал. Шрифт Times New Roman, размер шрифта - 14 пт. Работа должна включать следующие структурные части:

- 1) введение, в котором указывается актуальность темы, проблемы
- 2) основную часть с описанием современного этапа проблемы
- 3) заключение

Список литературы составляется по алфавиту с точным указанием выходных данных книги, статьи согласно требованиям ГОСТ-2008 по библиографическому описанию документа. Список литературы - это перечень книг, журналов, статей с указанием основных данных (место и год выхода, издательство и др.). Для написания работы должно быть использовано не менее 5-6 современных литературных источников.

Защита реферата осуществляется в устной форме. Время доклада – не более 7 мин. Доклад сопровождается презентацией, выполненной в Microsoft PowerPoint. Слайды должны быть наглядными, и соответствовать тексту выступления.

#### **Критерии оценки:**

-5 баллов выставляется обучающемуся, если имеет место правильное представление каждого пункта содержания работы, начиная с оформления титульного листа и заканчивая списком литературы, соответствующим требованиям ГОСТ;

- 4 балла выставляется обучающемуся, если имеет место правильное изложение основной части работы с ошибками в оформлении других частей (содержания, библиографического списка и т.п.);

- 3 балла выставляется обучающемуся, если имеют место смысловые ошибки в основном разделе работы и правильное оформление других разделов (титульный лист, содержание, список литературы);

-2 балла выставляется обучающемуся, если имеют место смысловые ошибки в основном разделе работы и неправильное оформление других разделов (титульный лист, содержание, список литературы).

**Сведения о материально-техническом обеспечении,  
необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине  
«Базы данных и основные методы биоинформатики»**

№ п/п	Адрес (местоположение) здания, строения, сооружения, помещения	Собственность или оперативное управление, хозяйственное ведение, аренда, субаренда, безвозмездное пользование	Назначение оснащенных зданий, сооружений, помещений, территорий с указанием площади (кв.м.)	Наименование оборудованных учебных кабинетов, объектов для проведения практических, объектов физической культуры и спорта	Наименование объекта	Инвентарный номер
1.	г. Саратов, ул. Московская 155Е, 2 корпус 2 этаж	Оперативное управление	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м <sup>2</sup>	Аудитория № 1 для практических занятий – 28.1 м <sup>2</sup>	Стол лабораторный с надстройкой	000210106005919
					Столы – моноблоки с надстройкой	000000619990675
						000210106005848
						000210106005847
						000210106005846
						000210106005845
						000210106005849
						000210106005844
						000210106005843
					000210106005842	
					Сушилка для рук	000210106001436
					Стул – 1 шт.	120000000000823
					стол рабочий С1400	000210106000408
Телевизор “Toshiba” 40S	201811000000742					
Очиститель воздуха ультрафиолетовым ОВУ-04	202009000000208					

				«Солнечный бриз»	
				Автоматизированное рабочее место АРМ DEPO Neos DE5 AR7-5700G/32Gb3200/SS0480Gb/T	202307000000056
				Компьютер персональный (моноблок) 24 БУШТАУ АЮ2401/В560/БЕРТ. 4662 19001-001	202308000000085
2.	Оперативное управление	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м <sup>2</sup>	Аудитория № 2 для практических занятий – 29,6 м <sup>2</sup>	Стол лабораторный с надстройкой	000210106005919
				Столы – моноблоки с надстройкой	000210106005841
					000210106005840
					000210106005839
					000210106005838
					000210106005837
					000210106000422
					000210106001309
					000210106001289
					000210106001290
				Сушилка для рук	000210106001437
				Стул – 1 шт.	120000000000823
Стол рабочий С-1400	000210106006048				
Телевизор “Toshiba” 40S	201811000000331				
Шкаф (бокс) ламинарный	202301000000005				
3.	Оперативное управление	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м <sup>2</sup>	Аудитория № 3 для практических занятий – 23.2 м <sup>2</sup>	Стол лабораторный с надстройкой	000210106000490
				Столы – моноблоки с надстройкой	000210106001291
					000210106001292
					000210106001293
					000210106001294
					000210106001295
					000210106001296
					000210106001297
					000210106001298
					Сушилка для рук
				Стул – 1 шт.	130000000000823
				Стол преподавателя	
Телевизор “Toshiba” 40S	201811000000332				

4.		Оперативное управление	Помещения для практических занятий Общая площадь – 476,5 м <sup>2</sup>	Аудитория № 4 для практических занятий – 27.9 м <sup>2</sup>	Стол – моноблок с надстройкой	000210106005917
					Столы лабораторные с надстройкой	000210106001299
						000210106001300
						000210106001301
						000210106001302
						000210106001303
						000210106001304
						000210106001305
						000210106001306
						000210106001307
						000210106001308
					Сушилка для рук –	000210106001439
					Стул – 1 шт.	130000000000823
Телевизор “Toshiba” 40S	201811000000333					
Стол преподавателя	000210106001321					
Облучатель бактерицидный ОБН 150	130000000000550					
Спектрофотометр ПЭ5400ВИ	202011000000304					
5.	410028, г. Саратов, ул. им. 53 Стрелковой дивизии, дом 6/9	Оперативное управление	Научная библиотека, компьютерный класс	Аудитория № 201 для самостоятельной работы 27,7 кв.м.	персональные компьютеры-5, специализированная мебель (компьютерные столы – 5 шт., стулья – 5 шт.), автоматизированное рабочее место (АРМ) для слабовидящих в составе: компьютер Quartis (I5 8400 (2.8)/16GB DDR4/1000 GB HDD/Video IHG/128 GB SSD M2Audio 6 ch/Win Home 10 64bit/Office Pro 2016/NVDA, монитор BENQ 27" EW2775ZH, наушники PHILIPS SHP 1900/10, электронный ручной видео увеличитель (электронная лупа) Bigger B2-35TV, панель вызова ПВ* универсальная, модуль оповещения Око-Старт, клавиатура с большими кнопками для людей с ограниченными	

				Аудитория № 202 для самостоятельной работы 30,1 кв.м.	возможностями; персональные компьютеры – 5 шт., специализированная мебель (компьютерные столы – 5 шт., стулья – 5 шт.).	
6.	410012, Саратовская область, город Саратов, ул. им. Кутякова И.С., дом 109	Оперативное управление	Компьютерный класс	Лекционная аудитория №3 189,5 кв. м	Доска аудиторная	00021010600693
					Стол	00011010600526
					Стол	00011010600525
					Стол	00011010600524
					Стол	00011010600528
					Стол	00011010600530
					Стол	00011010600534
					Стол преподавателя	00011010600050
					Стул -20шт	Ун0210136020356
					Автоматизированное рабочее место DEPO Neos MF524 W10_P64/SM/G5420/8GDDR4/SSD120G/sDVD±RW/23,8"ThF/DSS/KBu/Mu/120W/ONS1AIO. тип 3	202104000000181
					Автоматизированное рабочее место Aquarius Mnb Std T684	201910000000179
					Автоматизированное рабочее место DEPO Neos MF524 W10_P64/SM/G5420/8GDDR4/SSD120G/sDVD±RW/23,8"ThF/DSS/KBu/Mu/120W/ONS1AIO. тип 3	202104000000182
					Микроскопы- 20шт	Ун0210136050636
					Стол	000011010602059
					Стол	000021010603026
					Стол	000011010603021
					Стол	000011010603020
Стол лабораторный с надстройкой	00011010600536					
Стол письменный	00000000004094					
Стол письменный	000210106000998					

Стол письменный	000210106001000
Стол письменный	000011010604633
Стол письменный	000011010603029
Стол лабораторный с надстройкой	00011010600529
Стул-15шт	Ун0210136020356
Стул-15шт	130000000000619
Автоматизированное рабочее место КС 15.6 3.3 Ghx/8192 Мб/512SSDGb/HD Graphics620/W10Pro. тип 6	202109000000165
Ноутбук тип 2:Ноутбук LENOVO IdeaPad 330S-15ARR, 15.6", AMD Ryzen 5 2500U 2.0ГГц, 4Гб, 1000Гб, AMD Radeon Vega 8, Windows 10	201811000000244
Автоматизированное рабочее место КС 15.6 3.3 Ghx/8192 Мб/512SSDGb/HD Graphics620/W10Pro. тип 6	202109000000164
Доска аудиторная	21115
Стол президиума	11010600663
Моноблок 1700x900	11010600571
Моноблок 1700x900	11010600577
Моноблок 1700x900	11010600578
Моноблок 1700x900	11010600579
Моноблок 1700x900	11010600581
Моноблок 1700x900	11010600582
Моноблок 1700x900	11010600583
Моноблок 1700x900	11010600584
Моноблок 1700x900	11010600587
Моноблок 1700x900	11010600588
Моноблок 1700x900	11010600594
Моноблок 1700x900	11010600595
Моноблок 1700x900	11010600598
Моноблок 1700x900	11010600600
Моноблок 1700x900	11010600602

					Моноблок 1700x900	11010600604
					Моноблок 1700x900	11010600605
					Моноблок 1700x900	11010600608
					Моноблок 1700x900	11010600615
					Моноблок 1700x900	11010600619
					Моноблок 1700x900	11010600620
					Моноблок 1700x900	11010600623
					Моноблок 850x900	14238
					Моноблок 850x900	14239
					Моноблок 850x900	14240
					Моноблок 850x900	14241
					Моноблок 850x900	14242
					Проектор мультимедийный широкоформатный EPSON EB-108	201910000000244

#### Приложение №4

### Сведения о кадровом обеспечении, необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Базы данных и основные методы биоинформатики»

ФИО преподавателя	Условия привлечения (штатный, внутренний совместитель, внешний совместитель, по договору)	Занимаемая должность, ученая степень/ученое звание	Перечень преподаваемых дисциплин согласно учебному плану	Образование (какое образовательное учреждение профессионального образования окончил, год)	Уровень образования, наименование специальности по диплому, наименование присвоенной квалификации	Объем учебной нагрузки по дисциплине (доля ставки)	Сведения о дополнительном профессиональном образовании, год		Общий стаж работы	Стаж практической работы по профилю образовательной программы в профильных организациях с указанием периода работы и должности
							спец	пед		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Кульшань Татьяна Алексеевна	Штатный сотрудник	Доцент, к.м.н.	Микробиология, вирусология	СГМУ, 2004	Специалитет. Лечебное дело, квалификация – врач.	0,08	Профессиональная переподготовка по особо опасным инфекциям (2005 г., ФКУЗ	Профессиональная переподготовка по программе «Педагог профессионал	18	7 2004-2016 –ФКУН РосНИПЧИ «Микроб», отдел молекулярной микробиологии, младший научный

							<p>РосНИПЧИ «Микроб»); «Полимеразная цепная реакция в диагностике инфекционных болезней и индикации патогенных микроорганизмов» (2015 г. ФКУЗ РосНИПЧИ «Микроб»; Повышение квалификации «Информационные технологии в образовании и науке» (СГМУ 2022); Бактериология (2022, СГМУ) Профессиональная переподготовка «Машинное обучение на Python для решения биоинформатических задач»( Бластим, Москва, 72 ч., 2023)</p>	<p>ального обучения, профессионального образования и дополнительного профессионального образования» (2017 г. ГАПОУ СО ЭМК; Педагог профессионального образования (2022, СГМУ)</p>		<p>сотрудник, научный сотрудник, старший научный сотрудник</p>
<p>Попов Дмитрий Алексеевич</p>	<p>Штатный сотрудник</p>	<p>Ассистент</p>	<p>Клеточные технологии,</p>	<p>СГМУ, 2022</p>	<p>Специалитет. Педиатрия, квалификация - врач-</p>	<p>0,08</p>	<p>Профессиональная переподготовка</p>	<p>Профессиональная переподготовка</p>	<p>1</p>	

			Медицинская биология		педиатр		а «Машинное обучение на Python для решения биоинформатических задач»(Бластим, Москва, 72 ч., 2023)	«Преподаватель высшей школы (СГМУ,2023)		
Шереметьева Анна Сергеевна	Внутренний совместитель	Старший преподаватель	Клеточная биология и гистология, основы экологии и охраны природы, фармакогнозия,	СГМУ, 2013	высшее, специалитет, фармация, провизор, интернатура: управление и экономика фармации, профессиональная переподготовка: преподаватель высшей школы	0,08	Интернатура по специальности «Управление и экономика фармации» (СГМУ, 2014), Повышение квалификации «Фундаментальные проблемы общей и клинической патологии (МАНПО,2018)», удостоверение о Повышение квалификации «Фармацевтическая химия и фармакогнозия , (РУДН, 2018), Повышение квалификации «Содержание и	Профессиональная переподготовка «Преподаватель высшей школы (СГМУ,2018), Повышение квалификации «Особенности преподавания современной биомедицины в системе непрерывного медицинск	10	

						<p>предмет дисциплины фармакогнозия в условиях реализации нового ФГОС ВО по специальности «Фармация» (1МГМУ им. И.М. Сеченова, 2019), Повышение квалификации «Управление и экономика фармации» (СГМУ, 2020); Повышение квалификации «Информационные технологии в образовании и науке», (СГМУ 2021); Повышение квалификации "Управленческий турнир: конкурентоспособность университета" (МШУ "Сколково", 2022);</p>	<p>ого образования (РМАНПО 2021); Повышение квалификации «Педагог профессионального образования (СГМУ, 2021).</p>		
--	--	--	--	--	--	--	---	--	--

							Повышение квалификации «Анализ данных в биологии» (ФГАОУ ВО БФУ им. Канта, 2022)			
--	--	--	--	--	--	--	---	--	--	--