



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

**ПРИНЯТА**

Ученым советом педиатрического и  
фармацевтического факультетов  
протокол от 21.06.2023 г. № 5  
Председатель  
совета \_\_\_\_\_ А.П. Аверьянов

**УТВЕРЖДАЮ**

Декан фармацевтического факультета  
\_\_\_\_\_ Н.А. Дурнова

«21» июня 2023 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ**

**БИОИНФОРМАТИКА**

(наименование учебной дисциплины)

**Специальность**

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика  
(код и наименование специальности)

**Форма обучения**

ОЧНАЯ

(очная, очно-заочная)

**Срок освоения ОПОП**

5 ЛЕТ

**Кафедра микробиологии, вирусологии и иммунологии**

**ОДОБРЕНА**

на заседании учебно-методической конференции  
кафедры от 26.05.2023 № 4

Заведующий кафедрой \_\_\_\_\_

В.В. Кутырев

**СОГЛАСОВАНА**

Заместитель директора ДООД  
\_\_\_\_\_ Д.Ю. Нечухраная

« 14 » 06 2023 г.

## СОДЕРЖАНИЕ

1. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	3
2. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ	3
3. МЕСТО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	6
4. ТРУДОЕМКОСТЬ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ КОНТАКТНОЙ РАБОТЫ	6
5. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ	7
5.1 Разделы учебной дисциплины и компетенции, которые должны быть освоены при их изучении	7
5.2 Разделы дисциплины, виды учебной деятельности и формы текущего контроля	8
5.3 Название тем лекций с указанием количества часов	9
5.4. Название тем практических занятий с указанием количества часов	10
5.5. Лабораторный практикум	12
5.6. Самостоятельная работа обучающегося по дисциплине	12
6. ПЕРЕЧЕНЬ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	13
7. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ	13
8. ПЕРЕЧЕНЬ ОСНОВНОЙ И ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	13
9. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ»	14
10. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	16
11. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	16
12. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ	17
13. КАДРОВОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ	17
14. ИНЫЕ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ	17

Рабочая программа учебной дисциплины «Биоинформатика» 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 приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от 12 августа 2020 г. № 973.

## 1. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

**Цель:** формирование основополагающих знаний о современных компьютерных методах получения, хранения, сравнительного анализа и визуализации биологических данных, необходимых для осуществления профессиональной деятельности в соответствии с квалификационными требованиями, предъявляемыми к практической деятельности биоинженера и биоинформатика.

**Задачи:**

- изучение основных методов исследования биологических макромолекул и анализа биологических данных;
- изучение методов исследования биологических последовательностей, их описания, предсказания структуры и функций;
- формирование навыков использования методов получения, хранения, переработки биологической информации;
- обучение методам разработки программного обеспечения для управления биологическими данными;
- приобретение навыков практического использования молекулярно-генетического программного обеспечения для биоинформатического анализа;
- ознакомление и развитие умений использования современной аппаратуры и оборудования для выполнения биологических лабораторных и научно-исследовательских работ.

## 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	УК-1 Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, выработать стратегию действий.
ИД <sub>УК-1</sub> -1	Анализирует проблемную ситуацию как систему, выявляя ее составляющие и связи между ними
ИД <sub>УК-1</sub> -2	Определяет пробелы в информации, необходимой для решения проблемной ситуации и проектирует процессы по их устранению
ИД <sub>УК-1</sub> -3	Критически оценивает надежность источников информации, работает с противоречивой информацией из разных источников
ИД <sub>УК-1</sub> -4	Разрабатывает и содержательно аргументирует стратегию решения проблемной ситуации на основе системного и междисциплинарного подходов
Разработка и реализация проектов	УК-2 Способен управлять проектом на всех этапах его жизненного цикла.
ИД <sub>УК-2</sub> -1	Формулирует на основе поставленной проблемы проектную задачу и способ ее решения через реализацию проектного управления
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
ИД <sub>УК-2</sub> -3	Планирует необходимые ресурсы, в том числе с учетом их заменяемости
Безопасность жизнедеятельности	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.
ИД <sub>УК-8</sub> -3	Решает проблемы, связанные с нарушениями техники безопасности и участвует в мероприятиях по предотвращению чрезвычайных ситуаций на рабочем месте
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
	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.
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.
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

<p>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>ОПК-6</b> Способен разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения.</p>
<p>ИД<sub>ОПК-6</sub>-1. Использует стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики, подбирать необходимые и оптимальные условия проведения научного анализа в зависимости от специфики поставленной задачи с применением методов биоинформатики.</p> <p>ИД<sub>ОПК-6</sub>-2. Применяет программные средства, используя ресурсы Интернета применительно к биологическим объектам.</p> <p>ИД<sub>ОПК-6</sub>-3. Применяет основные методы получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, методы проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей.</p>	

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

Учебная дисциплина «Биоинформатика» (Б1.Б.34) 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) Микробиология и вирусология (Б1.Б.10).
- 3) Математический анализ (Б1.Б.14)
- 4) Информатика (Б1.Б.19)
- 5) Базы данных и основные методы биоинформатики (Б1.Б.20)
- 6) Биохимия (Б1.Б.17)
- 7) Генетика (Б1.Б.23);
- 8) Информационные технологии в науке и преподавании (Б1.Б.24).

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

Вид работы	Всего часов	Кол-во часов в семестре		
		№ 6	№ 7	№ 8
1	2			
<b>Контактная работа (всего), в том числе:</b>	<b>210</b>	<b>60</b>	<b>88</b>	<b>62</b>
<b>Аудиторная работа</b>	<b>210</b>	<b>60</b>	<b>88</b>	<b>62</b>
Лекции (Л)	<b>56</b>	<b>20</b>	<b>20</b>	<b>16</b>
Практические занятия (ПЗ)	<b>154</b>	<b>40</b>	<b>68</b>	<b>46</b>
Семинары (С)				
Лабораторные работы (ЛР)				
<b>Внеаудиторная работа</b>				
<b>Самостоятельная работа обучающегося (СРО)</b>	<b>150</b>	<b>30</b>	<b>56</b>	<b>64</b>
<b>Вид промежуточной аттестации</b>	зачет (З)			
	экзамен (Э)	<b>36</b>		<b>36</b>
<b>ИТОГО: Общая трудоемкость</b>	час.	<b>396</b>	<b>90</b>	<b>144</b>
	ЗЕТ	<b>11</b>	<b>2,5</b>	<b>4,5</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,	Основы биоинформатики	Понятие биоинформатики. Предмет, цели и задачи биоинформатики. Основные направления биоинформатики, в зависимости от исследуемых объектов. Основные инструменты. Современные понятия о структуре ДНК и РНК, центральная догма молекулярной биологии. Электронные библиотечные ресурсы. Биологическая классификация и номенклатура. Интернет. Поисковые системы.
2.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5	Уровни структурной организации белков	Первичная структура белка. Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов. Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой. Современные методы предсказания вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры. Метод моделирования по гомологиям. Базы данных пространственных структур биополимеров.
3.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Сравнение последовательностей	Анализ последовательностей нуклеотидов. Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность. Гены, регуляторные последовательности. Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание,

			вычислительные ресурсы. Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша. Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания. Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике.
4.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5	Предсказание функции биополимеров по последовательности	Анализ гомологов и функциональные сигналы. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.). Функциональные сайты ДНК. Гены прокариот и эукариот. Сравнительные методы предсказания генов. Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК).
5.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Эволюция на уровне молекул	Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов). Филогенетическое дерево. Модели эволюции. Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных. Алгоритмы построения филогенетических деревьев (методы максимального правдоподобия, максимальной парсимонии, Neighbour Joining).
6.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Системная биология и интеграция данных	Омикс-технологии. Базы данных. Подходы, алгоритмы и базы данных для интеграции данных.
7.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Секвенирование нуклеиновых кислот	Виды секвенирования. Поколения секвенирования: принципы, преимущества и недостатки.
8.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Биоинформатические методы в протеомике и геномике	Понятие о сборках генома de-novo и по референсу. Картирование ридов для нахождения SNP. Понятие графа. Применение графов в алгоритмах сборки геномов de-novo. Методы оценки близости геномов. Понятие фингерпринта. Протеогеномика. Идентификация посттрансляционных модификаций. Мировые репозитории данных.
9.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Исследование сложных микробных сообществ	Метагеномика и другие молекулярно-генетические подходы. Секвенирование 16S рРНК, полногеномное секвенирование; особенности и недостатки. Виды и форматы метагеномных данных. Конвейерная обработка метагеномных данных. Метагеном кишечника человека. Базы данных.
10.	УК-1, УК-2,	Геном человека	История генома человека. Точность данных. Представление о расшифровке генома. Разнообразие

	УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6		генома у разных людей. Уникальность информации. Базы данных по геному человека. Инструменты для работы с геномом.
11.	УК-1, УК-2, УК-8, ОПК-4, ОПК-5, ОПК-6	Биоинформатика в фармации	Медицинская геномика и фармакогеномика. Глобальная фармацевтическая промышленность. Открытие и разработка лекарств. Фармакоинформатика. Компьютерная токсикология и иммуноинформатика

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

№	№ семестра	Наименование раздела дисциплины (модуля)	Виды деятельности (в часах)					Формы текущего контроля успеваемости
			Л	ЛР	ПЗ	СРО	всего	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.	3	Основы биоинформатики	4		16	10	30	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
2.	3	Уровни структурной организации белков	2		24	20	46	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
3.	3	Сравнение последовательностей	2		34	16	52	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
4.	4	Предсказание функции биополимеров по последовательности	4		8	10	22	Тесты, устный опрос, кейс-технологии.
5.	4	Эволюция на уровне молекул	10		12	10	32	Устный опрос
6.	4	Системная биология и интеграция данных	4		8	10	22	Тесты, устный опрос.
7.	4	Секвенирование нуклеиновых кислот	8		20	10	38	Тесты, устный опрос.
8.		Биоинформатические методы в протеомике и геномике	16		8	10	34	Тесты, устный опрос.
9.		Исследование сложных микробных сообществ	2		6	20	28	Тесты, устный опрос.

10.		Геном человека	2	8	20	30	Тесты, устный опрос.
11.		Биоинформатика в фармации	2	10	14	26	Тесты, устный опрос.
<b>ИТОГО:</b>			<b>56</b>	<b>154</b>	<b>150</b>	<b>360</b>	

### 5.3 Название тем лекций с указанием количества часов

№ п/п	Название тем лекций	Кол-во часов в семестре		
		№ 6	№ 7	№8
1	2	3	4	5
1.	Предмет, задачи и объекты биоинформатики. Новейшие достижения в области молекулярной биологии и генетики, вызвавшие необходимость развития биоинформатики.	4		
2.	Молекулярная биология и эволюция.	4		
3.	Эволюционные и генетические алгоритмы.	2		
4.	Эволюция белковых структур.	2		
5.	Геномы прокариот.	2		
6.	Структура и эволюция бактериальных хромосом.	2		
7.	Сравнение последовательностей.	2		
8.	Матрицы замен.	2		
9.	Алгоритмы кластерного анализа.		2	
10.	Выравнивание биологических последовательностей.		4	
11.	Поиск сходства в нуклеотидных последовательностях.		2	
12.	Профили выравнивания. Взвешенные последовательности.		2	
13.	Множественное выравнивание.		2	
14.	Функции РНК. Вторичная структура РНК.		4	
15.	Филогенетические деревья. Методы кластеризации		4	
16.	Технологии секвенирования.			4
17.	Технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS), обработка их данных и применение результатов в медицинской и научной практике.			4
18.	Биоинформатика в иммунологии: вычислительный анализ адаптивных иммунных репертуаров.			2
19.	Микробиота кишечника человека.			2
20.	Транскриптомика: практические методы и применяемые алгоритмы			2
21.	Открытие и разработка лекарств. Лидерные соединения. Компьютерный дизайн лекарств.			2

23.		<b>ИТОГО:</b>	20	20	16
-----	--	---------------	----	----	----

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

№ п/п	Название тем практических занятий	Кол-во часов в семестре		
		№ 6	№ 7	№8
1	2	3	4	5
1.	Предмет биоинформатики. Цели и задачи биоинформатики.	2		
2.	Биоинформатика в медицине.	2		
3.	Центральная догма молекулярной биологии	2		
4.	Особенность биоинформационных данных. Перспективы применения биоинформатики.	2		
5.	Компьютерные компоненты биоинформатики.	2		
6.	Интернет-компоненты биоинформатики.	2		
7.	Информация в молекулярной биологии.	2		
8.	<b>Итоговое модульное занятие №1</b>	2		
9.	Анализ и предсказание белков.	2		
10.	Проблема расшифровки белковых структур.	2		
11.	Предсказание вторичной структуры белка.	2		
12.	Предсказание трёхмерной структуры белков.	2		
13.	Программы предсказания белков. Проблемы в предсказании функции белка.	4		
14.	Анализ белковой экспрессии.	2		
15.	Метод моделирования по гомологиям.	2		
16.	Базы данных пространственных структур биополимеров.	2		
17.	Матрицы замен.	4		
18.	<b>Итоговое модульное занятие №2</b>	2		
19.	Биологическая классификация и номенклатура.		2	
20.	Поиск схожих последовательностей в базах данных.		2	
21.	Определение понятия "информация". Генетическая информация.		2	
22.	Геномика. Картографирование генома.		2	
23.	Функционирование и организация геномов. Геномы прокариот.		2	
24.	Функционирование и организация геномов. Геномы эукариот.		2	
25.	Генные мутации.		2	
26.	Однонуклеотидные полиморфизмы.		2	
27.	Горизонтальный перенос генов.		2	
28.	Анализ последовательностей нуклеотидов.		2	
29.	Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы.		2	
30.	Выравнивание биологических последовательностей. Парное выравнивание.		2	
31.	Глобальное выравнивание.		2	
32.	Локальное выравнивание.		2	
33.	Выравнивание биологических последовательностей. Множественное выравнивание.		2	
34.	Статистическая значимость выравниваний. Применение		2	

	выравнивания в биоинформатике.			
35.	<b>Итоговое модульное занятие №3</b>		2	
36.	Протеомика. Структура белков и информация.		2	
37.	Анализ гомологов и функциональные сигналы. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты.		2	
38.	Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты.		2	
39.	Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).		2	
40.	Филогенетический анализ. Модели эволюции.		2	
41.	Эволюция на уровне генома. Гомология.		2	
42.	Инструменты филогенетического анализа.		2	
43.	Алгоритмы построения филогенетических деревьев (методы максимального правдоподобия, максимальной парсимонии, Neighbour Joining).		4	
44.	Реконструкция филогенетических деревьев.		2	
45.	Подходы, алгоритмы и базы данных для интеграции данных.		2	
46.	Секвенирование биологических последовательностей.		2	
47.	Определение сиквенса. Открытая рамка считывания.		2	
48.	Методы секвенирования ДНК.		6	
49.	<b>Итоговое модульное занятие №4</b>		2	
50.	Сборка генома. Понятие о сборках генома de-novo и по референсу.			2
51.	Применение графов в алгоритмах сборки геномов de-novo.			2
52.	Картирование ридов для нахождения SNP.			2
53.	Понятие фингерпринта.			2
54.	Омикс-технологии.			2
55.	Протеогеномика.			2
56.	Идентификация посттрансляционных модификаций.			2
57.	Использование результатов секвенирования. Мировые репозитории данных.			2
58.	<b>Итоговое модульное занятие №5</b>			2
59.	Метагеномика. Виды и форматы метагеномных данных.			2
60.	Конвейерная обработка метагеномных данных.			2
61.	Метагеном кишечника человека. Базы данных.			4
62.	История генома человека. Представление о расшифровке генома.			2
63.	Разнообразие генома людей. Уникальность информации.			2
64.	Базы данных по геному человека. Инструменты для работы с геномом.			4
65.	Биоинформатика в фармации.			2
66.	Медицинская геномика и фармакогеномика.			2
67.	Глобальная фармацевтическая промышленность. Открытие и разработка лекарств.			2
68.	Фармакоинформатика.			2
69.	Компьютерная токсикология и иммуноинформатика.			2
70.	<b>Итоговое модульное занятие №6</b>			2
	<b>ИТОГО</b>	<b>40</b>	<b>68</b>	<b>46</b>

## 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.	6	Основы биоинформатики	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
2.	6	Уровни структурной организации белков	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	20
3.	7	Сравнение последовательностей	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	16
4.	7	Предсказание функции биополимеров по последовательности	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
5.	7	Эволюция на уровне молекул	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
6.	7	Системная биология и интеграция данных	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
7.	7	Секвенирование нуклеиновых кислот	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
8.	8	Биоинформатические методы в протеомике и геномике	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	10
9.	8	Исследование сложных микробных сообществ	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	20
10.	8	Геном человека	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	20
11.	8	Биоинформатика в фармации	Подготовка к практическим занятиям, изучение учебной и научной литературы, подготовка к текущему и промежуточному контролю	14
<b>ИТОГО</b>				<b>150</b>

## 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 «Биоинформатика» в полном объеме представлен в Приложении 1.

Методические материалы, определяющие процедуру оценивания результатов освоения дисциплины «Биоинформатика» в полном объеме представлены в «Положении о балльно-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

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

#### Электронные источники

№	Издания
1	2
<b>Основные источники</b>	
1.	Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
	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>	
3.	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>
4	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>
5	Миронов А.А. Биоинформатика. 17 видеолекций, <a href="https://teach-in.ru/course/bioinformaticsmironov/lectnre">https://teach-in.ru/course/bioinformaticsmironov/lectnre</a>

6	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)
1	3
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.bioinformatic.ru/">http://www.bioinformatic.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.sgm.ru/">http://el.sgm.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;  
Aligment - 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 «Биоинформатика» представлены в Приложении 2.

## **11. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**

1. Адрес страницы кафедры: [www.sgmru.ru/info/str/depts/micro/](http://www.sgmru.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 «Руконт» <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.sgmru.ru/> – учебно-методические материалы, материалы для компьютерного тестирования, конспекты лекций, презентации, видео уроки.

7. Используемое программное обеспечение:

<b>Перечень лицензионного программного обеспечения</b>	<b>Реквизиты подтверждающего документа</b>
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
IRsolution 1.50	206-73801-91
ICoon	776A4152
LCsolution 1.25	223-07340-91

UVProbe 2.31	206-21411-91
Titrate – 5.0 Base	120927-4
GCsolution 2.32	223-07601-91

## 12. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Биоинформатика» представлено в приложении 3.

## 13. КАДРОВОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Сведения о кадровом обеспечении, необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Биоинформатика» представлены в приложении 4.

## 14. ИНЫЕ УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ

Учебно-методические материалы, необходимые для осуществления образовательного процесса по дисциплине «Биоинформатика»:

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

### Разработчики:

Доцент кафедры микробиологии,  
вирусологии и иммунологии

*занимаемая должность*



*подпись*

Т.А. Кульшань

*инициалы, фамилия*

## 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**

Дисциплина:

**БИОИНФОРМАТИКА**

(наименование дисциплины)

Специальность:

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

(код и наименование специальности)

Квалификация:

Биоинженер и биоинформатик

(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</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>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</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>ОПК-6 Способен разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения.</p>	<p>ИД<sub>ОПК-6</sub>-1. Использует стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики, подбирать необходимые и оптимальные условия проведения научного анализа в зависимости от специфики поставленной задачи с применением методов биоинформатики.</p> <p>ИД<sub>ОПК-6</sub>-2. Применяет программные средства, используя ресурсы Интернета применительно к биологическим объектам.</p> <p>ИД<sub>ОПК-6</sub>-3. Применяет основные методы получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, методы проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей.</p>

## 2. ПОКАЗАТЕЛИ ОЦЕНИВАНИЯ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

Семестры	Шкала оценивания			
	«неудовлетворительно»	«удовлетворительно»	«хорошо»	«отлично»
<b>знать</b>				
6,7,8	<p>Студент не способен самостоятельно выделять главные положения в изученном материале дисциплины.</p> <p>Не знает основные научные термины и понятия биоинформатики, и алгоритмы их реализации, не знает методы исследования биологических последовательностей, базовые алгоритмы выравнивания, алгоритмы поиска в базах последовательностей, методы секвенирования и основные программы анализа данных секвенирования, не знает типовые численные методы решения биоинформатических задач.</p>	<p>Студент усвоил основное содержание материала дисциплины, но имеет пробелы в усвоении материала, не препятствующие дальнейшему усвоению учебного материала.</p> <p>Имеет несистематизированные знания о методах исследования биологических последовательностей, об алгоритмах выравнивания, алгоритмах поиска в базах последовательностей, методах секвенирования и основных программах анализа данных секвенирования.</p>	<p>Студент способен самостоятельно выделять главные положения в изученном материале.</p> <p>Знает основные научные термины и понятия в биоинформатике, знает о методах исследования биологических последовательностей, об алгоритмах выравнивания, алгоритмах поиска в базах последовательностей, методах секвенирования и основных программах анализа данных секвенирования.</p>	<p>Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала дисциплины.</p> <p>Знает современные термины и понятия в биоинформатике и может их свободно применять.</p> <p>Показывает глубокое знание и понимание о методах исследования биологических последовательностей, об алгоритмах выравнивания, алгоритмах поиска в базах последовательностей, методах секвенирования и основных программах анализа данных секвенирования, а также владеет типовыми численными методами решения биоинформатических задач.</p>
<b>уметь</b>				
3	<p>Студент не умеет правильно использовать основные термины и понятия биоинформатики,</p>	<p>Студент испытывает затруднения при использовании основных терминов и понятий биоинформатики, современных</p>	<p>Студент умеет самостоятельно использовать основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции</p>	<p>Студент умеет последовательно и свободно использовать основные термины и понятия биоинформатики, современные</p>

	современные концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики базовые методические подходы биологии и микробиологии, ограничения их использования при постановке экспериментов в области биоинформатики.	концепций биоинформатики; базовых методических подходов биологии и микробиологии, ограничения их использования при постановке экспериментов в области биоинформатики.	биоинформатики; объекты изучения биоинформатики базовые методические подходы биологии и микробиологии, ограничения их использования при постановке экспериментов в области биоинформатики.	концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики базовые методические подходы биологии и микробиологии, ограничения их использования при постановке экспериментов в области биоинформатики.
<b>владеть</b>				
3	Студент не владеет основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, навыками планирования, проведения и анализа экспериментов в области биоинформатики.	Студент владеет основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, навыками планирования, проведения и анализа экспериментов в области биоинформатики.	Студент владеет знаниями всего изученного программного материала, материал излагает последовательно, но допускает незначительные ошибки и недочеты при воспроизведении изученного материала. Студент владеет основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам, навыками планирования, проведения и анализа экспериментов в области биоинформатики.	Студент самостоятельно выделяет главные положения в изученном материале и способен дать краткую характеристику основным идеям проработанного материала. Студент свободно владеет навыками морально-этической аргументации, убеждения, принципами индивидуального подхода при назначении профилактических и лечебных лекарственных средств. Студент показывает глубокое и полное владение основными микробиологическими приемами, используемыми для выделения и работы с культурой в ходе бактериологического исследования.

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

#### **3.1. Вопросы для проведения промежуточной аттестации по дисциплине «БИОИНФОРМАТИКА»**

1. Понятие биоинформатики. Предмет, цели и задачи биоинформатики.
2. Основные направления биоинформатики, в зависимости от исследуемых объектов. Основные инструменты.
3. Роль информации в биоинформатике.
4. Биоинформатика в медицине.
5. Современные понятия о структуре ДНК и РНК.
6. Центральная догма молекулярной биологии.
7. Основные носители информации на клеточном уровне.
8. Принципы формирования пространственных структур нуклеиновых кислот.
9. Процессы трансформации информации при переносе ее с молекул нуклеиновых кислот на белки.
10. Наиболее значимые отличия в процессе реализации генетической информации у прокариот и эукариот.
11. Структура и эволюция бактериальных хромосом.
12. Функции РНК. Вторичная структура РНК.
13. Электронные библиотечные ресурсы. Биологическая классификация и номенклатура. Интернет. Поисковые системы.
14. Выравниванием биологических последовательностей.
15. Типы изменений в процессе эволюционного расхождения последовательностей от общего предка.
16. Глобальное выравнивание последовательностей.
17. Локальное выравнивание последовательностей.
18. Поиск мотивов совпадения при выравнивании последовательностей.
19. Множественное выравнивание.
20. Вид аннотации множественного выравнивания, используемый программой ClustalW.
21. Взвешенные последовательности. Профиль выравнивания.
22. Преимущество программы PSI-BLAST по сравнению с профилями выравниваний.
23. Преимущество метода скрытых марковских моделей.
24. Точечная матрица сходства, её использование.
25. Сходства и различия графа и орграфа.
26. Оптимальное выравнивание, его отличия от субоптимального.
27. Методы статистической оценки значимости выравниваний.
28. Принципы, используемые при моделировании пространственной структуры молекулы РНК, сложности.
29. Сходства и различия в подходах к моделированию структуры РНК и белков.
30. Методы распознавания укладки белковой молекулы.
31. Филогенетический анализ.
32. Филогенетические деревья. Методы кластеризации.
33. Реконструкция филогенетических деревьев.

34. Алгоритмы построения филогенетических деревьев.
35. Различия подобия и гомологии последовательностей.
36. Филогенетическая схема. Филогения. Определения.
37. Кладистика. Кластеризация, Клад. Определения.
38. Суть кладистического метода наибольшей экономии.
39. Суть кладистического метода наибольшего правдоподобия.
40. Структурная, функциональная и сравнительная геномика.
41. ДНК-маркеры, используемые при составлении карты генома человека.
42. Структурная и функциональная протеомика.
43. Основные стадии исследования протеома.
44. Определение пространственной структуры белка.
45. Программы предсказания белков. Проблемы в предсказании функции белка.
46. Четвертичная структура белка, её функции.
47. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).
48. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы.
49. Генные мутации. Однонуклеотидные полиморфизмы.
50. Горизонтальный перенос генов.
51. Генная, заместительная и антисмысловая терапия.
52. Методы количественного измерения расстояния между двумя данными строками последовательностей.
53. Виды штрафов за делеции.
54. Открытая рамка считывания.
55. Профиль экспрессии клетки. Экспрессия белка.
56. Методы секвенирования белков – прямой и косвенный метод.
57. Технологии секвенирования.
58. Технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS), обработка их данных и применение результатов в медицинской и научной практике.
59. Биоинформатика в иммунологии: вычислительный анализ адаптивных иммунных репертуаров.
60. Микробиота кишечника человека.
61. Транскриптомика: практические методы и применяемые алгоритмы.
62. Открытие и разработка лекарств. Лидерные соединения. Компьютерный дизайн лекарств.
63. Сборка генома. Понятие о сборках генома de-novo и по референсу.
64. Картирование ридов для нахождения SNP.
65. Понятие фингерпринта.
66. Омикс-технологии.
67. Метагеномика. Виды и форматы метагеномных данных.
68. Медицинская геномика и фармакогеномика.
69. Фармакоинформатика. Определение, функции, практическое значение.
70. Компьютерная токсикология и иммуноинформатика. Определение, функции, практическое значение.

### **3.2. Кейс-технологии для проведения промежуточной аттестации по дисциплине**

#### **«БИОИНФОРМАТИКА»**

1. Даны три белка: 3TK3\_A, 4F5S\_A, 1A06\_A. Какие два из них наиболее схожи по первичной структуре?
2. Выполните поиск гомологов для белка gi|116812902. К каким организмам относятся ближайшие гомологи?
3. Найдите записи в биологических банках данных, относящиеся к сывороточному альбумину (serum albumin) человека. Сколько аминокислот в этом белке? Какова его примерная молекулярная масса?
4. Даны 2 последовательности: АТТСТСГТТТТТССССАГТАГАГГТГАТААТАТГ и АТСТСГСТТАТТТССААГГСГТГГТГСТААСАТС.  
Сделайте выравнивание. Транслируйте их в последовательность аминокислот. Сравните полученные аминокислотные последовательности. Можно ли по этим фрагментам определить функцию продукта трансляции?
5. Имеется сиквенс некоторого гена. Представлена его нуклеотидная последовательность:  
atgagtaaaggagaagaacttttactggagtggcccagttcttgaattagatggcgatgtaatggg  
caaaaattctctgtcagtgagagggtgaaggtgatgcaacatacggaaaacttacccttaattttattg  
cactactgggaagctacctgtccatggccaacactgtcactactttctcttatggtgttcaatgctctc  
aagataccagatcatatgaaacagcatgacttttcaagagtgccatgcccgaagggttatgtacaggaa  
agaactatattttacaagatgacgggaactacaagacacgtgctgaagtcaagttgaaggtgataccc  
ttgtaataagaatcgagttaaaaggtattgattttaagaagatggaacattcttgacacaaaatggaa  
tacaactataactacataatgtatacatcatgggagacaaaccaagaatggcatcaaagttaactca  
aaatagacacaacattaagatggaagcgttcaattagcagaccattatcaacaaaatactccaattgg  
cgatggccctgtcctttaccagacaaccattacctgtccacacaatctgccctttccaagatcccaac  
gaaaagagagatcatgatccttcttgagttgtaacagctgctaggattacacatggcatggatgaacatacaaa  
Определите ген.

### 3.3. Комплект тестовых вопросов для проведения промежуточной аттестации по дисциплине «БИОИНФОРМАТИКА»

1. Кто первым дал определение биоинформатики?
  - А. Полина Хогевер
  - Б. Лайнус Поллинг
  - В. Джейс Уотсон
  - Г. Френсис Крик
2. Какая из перечисленных ниже программ используется для множественного выравнивания последовательностей ДНК и белков?
  - А. ClustalW
  - Б. BLAST
  - В. DALI
  - Г. CASP
3. Контиг – это
  - А. 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
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. Сколько букв обозначает одну аминокислоту в FASTA-формате
- А. Одна
  - Б. Две
  - В. Три
  - Г. Четыре
6. 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
7. Гэпы-это
- А. Промежутки между аминокислотами при выравнивании последовательностей называются
  - Б. Схожие аминокислоты
  - В. Идентичные аминокислоты
  - Г. Ароматические аминокислоты
8. Какой раздел биоинформатики занимается визуальным моделированием пространственного строения белков
- А. Структурная биоинформатика
  - Б. Биоинформатика последовательностей
  - В. Компьютерная геномика
  - Г. Транскриптомика
9. Что стимулировало зарождение новых наук о жизни (-омики)
- А. Проект «Геном человека»
  - Б. Модель строения ДНК в виде двойной спирали
  - В. Появление сети ИНТЕРНЕТ
  - Г. Открытие генетического кода
10. Как называется наука, объектом которой является молекула РНК
- А. Транскриптомика
  - Б. Геномика
  - В. Протеомика
  - Г. Метаболомика
11. 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
12. SNP-типирование — это анализ
- А. однонуклеотидных полиморфизмов

- Б. аффинности
  - В. титра иммуноглобулинов класса G
  - Г. экспрессии белка
13. Делеция участка ДНК — это
- А. потеря участка ДНК в геноме
  - Б. вставка фрагмента ДНК в геном
  - В. обмен между гомологичными хромосомами
  - Г. поворот нуклеотидной последовательности в геноме на 180 градусов
14. Инсерция участка ДНК
- А. вставка фрагмента ДНК в геном
  - Б. робертсоновская транслокация
  - В. увеличение количества повторов в некодирующей части гена
  - Г. усиление активности промотора ген
15. Капиллярный электрофорез используется в:
- А. секвенировании по Сенгеру
  - Б. NGS
  - В. вестерн-блоте
  - Г. пиросеквенировании
16. Области применения секвенирования:
- А. snp-типирование
  - Б. анализ титра иммуноглобулинов класса E
  - В. определение активности ферментов
  - Г. определение экспрессии генов
17. Однонуклеотидный полиморфизм - это
- А. отличия в последовательности ДНК в один нуклеотид в геноме представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом
  - Б. отличия в последовательности ДНК в несколько нуклеотидов в геноме представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом
  - В. различия в белковой последовательности
  - Г. различия в длине генов у представителей одного вида
18. Пиросеквенирование - это метод секвенирования основанный на
- А. детекции высвобождающегося пирофосфата при элонгации цепи ДНК
  - Б. детекции изменения рН при синтезе цепи ДНК
  - В. лигировании
  - Г. обрыве цепи
19. При присоединении нуклеотида к цепи ДНК выделяется
- А. пирофосфат
  - Б. АТФ
  - В. ДНК-полимераза
  - Г. фосфотаза
20. Секвенирование ДНК - это
- А. прочтение последовательности ДНК
  - Б. амплификация ДНК in vitro
  - В. определение специфичности взаимодействия антиген-антитело
  - Г. определение последовательности мРНК
21. Секвенирование de novo - это

- А. расшифровка абсолютно неизвестных последовательностей ДНК
  - Б. анализ профиля экспрессии генов
  - В. определение эпигенетической регуляции
  - Г. ресеквенирование известных последовательностей
22. Микробиом – это
- А. сообщество микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания, или совокупность генов микроорганизмов такого сообщества
  - Б. совокупность всех метаболитов, являющихся конечным продуктом обмена веществ в клетке, ткани, органе или организме
  - В. совокупность всех существующих микроорганизмов
  - Г. совокупность микроорганизмов человека при патологии
23. 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 по классификации болезней
24. Размер коротких генетических вариаций
- А. один или несколько нуклеотидов
  - Б. более 1000 пар оснований
  - В. зависит от размера хромосом
  - Г. более 2000 пар оснований
25. 1 поколение секвенирования включает
- А. метод Максама-Гилберта
  - Б. пиросеквенирование
  - В. полупроводниковое секвенирование
  - Г. нанопоровое секвенирование

#### **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 «Биоинформатика»:**

- 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**

**УТВЕРЖДАЮ**

Заведующий кафедрой микробиологии,  
вирусологии и иммунологии

\_\_\_\_\_ В.В. Кутырев  
«21» июня 2023 г.

**МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ  
ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ**

Дисциплина	<b>БИОИНФОРМАТИКА</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**

**Тема:** Предмет биоинформатики. Цели и задачи биоинформатики.

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

1. Понятие биоинформатики.
2. Предмет, цели и задачи биоинформатики.

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

1. Что изучает биоинформатика?
2. Какие задачи решает биоинформатика?
3. Перечислите основные носители информации на клеточном уровне.

#### **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 № 2**

**Тема:** Биоинформатика в медицине.

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

1. Основные направления биоинформатики, в зависимости от исследуемых объектов в медицине.
2. Основные инструменты.

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

1. Какие направления биомедицины используют принципы и алгоритмы биоинформатических исследований?
2. Какие объекты изучает биоинформатика?
3. Инструменты, применяемые в биоинформатических исследованиях.

#### **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:** Центральная догма молекулярной биологии

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

1. Макромолекулы – носители информации в клетке
2. Информационные матричные процессы на молекулярном уровне.

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

1. Современные понятия о структуре ДНК и РНК.
2. Центральная догма молекулярной биологии.
3. Основные носители информации на клеточном уровне.

#### **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:** Особенность биоинформационных данных. Перспективы применения биоинформатики.

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

1. Электронные библиотечные ресурсы.
2. Биологическая классификация и номенклатура.
3. Интернет. Поисковые системы.
4. Перспективы применения биоинформатики.

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

1. Какие электронные библиотечные ресурсы используются для биоинформатических исследований?
2. Перспективы применение биоинформатики для диагностики заболеваний.
3. Перспективы применение биоинформатики для идентификации мишеней для лекарственных веществ.
4. Перспективы применение биоинформатики для генной терапии.

#### **Рекомендуемая литература.**

4. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
5. 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>
6. 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:** Компьютерные компоненты биоинформатики.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Операционные системы.
2. Сценарии.
3. Языки программирования.

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

1. Чем отличается системное и прикладное программное обеспечение? Приведите примеры.
2. Какие языки программирования применяют в биоинформатике.

**Рекомендуемая литература.**

7. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
8. 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>
9. 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**

**Тема:** Интернет-компоненты биоинформатики.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Интернет.
2. Сервер.
3. Биоинформатические компоненты.

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

1. Чем отличается системное и прикладное программное обеспечение? Приведите примеры.
2. В чём сходство и различие IP-адреса компьютера и его текстовым именем в иерархической системе доменных имён?
3. Чем отличаются веб-страница и веб-узел?
4. Что такое интернет-браузер? Какие браузеры вы знаете?
5. Что такое гиперссылка?
6. Что такое URL и каков его формат?

**Рекомендуемая литература.**

10. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
11. 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>
12. 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 № 7**

**Тема:** Информация в молекулярной биологии.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Информационный архив организма.
2. Современные понятия о структуре ДНК и РНК.
2. Генетический код

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

1. Что такое генетический код?
2. В чём состоит парадоксальное различие протекания процессов трансляции и фолдинга белка?
3. Анализом каких трёх информационно-управляемых процессов преимущественно занимается биоинформатика?

**Рекомендуемая литература.**

13. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
14. 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>
15. 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: Итоговое модульное занятие №1**

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

1. Что изучает биоинформатика?
2. Какие задачи решает биоинформатика?
3. Перечислите основные носители информации на клеточном уровне.
4. Какие направления биомедицины используют принципы и алгоритмы биоинформатических исследований?
5. Какие объекты изучает биоинформатика?
6. Инструменты, применяемые в биоинформатических исследованиях.
7. Современные понятия о структуре ДНК и РНК.
8. Центральная догма молекулярной биологии.
9. Основные носители информации на клеточном уровне.
10. Какие электронные библиотечные ресурсы используются для биоинформатических исследований?
11. Перспективы применение биоинформатики для диагностики заболеваний.

12. Перспективы применение биоинформатики для идентификации мишеней для лекарственных веществ.
13. Перспективы применение биоинформатики для генной терапии.
14. Чем отличается системное и прикладное программное обеспечение? Приведите примеры.
15. Какие языки программирования применяют в биоинформатике.
16. Чем отличаются веб-страница и веб-узел?
17. Что такое интернет-браузер? Какие браузеры вы знаете?
18. Что такое гиперссылка?
19. Что такое URL и каков его формат?
20. Что такое генетический код?
21. В чём состоит парадоксальное различие протекания процессов трансляции и фолдинга белка?
22. Анализом каких трёх информационно-управляемых процессов преимущественно занимается биоинформатика?

#### **Рекомендуемая литература.**

16. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
17. 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>
18. 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:** Анализ и предсказание белков.

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

1. Структура белков и информация
2. Предсказания пространственной структуры по последовательности.
3. Моделирование по гомологии.

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

1. Чем занимается структурная и функциональная протеомика?
2. Какую информацию получают при моделировании белка по гомологии.

#### **Рекомендуемая литература.**

19. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
20. 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>
21. 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:** Проблема расшифровки белковых структур.

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

1. Установление функциональной зависимости между последовательностью аминокислот и пространственной структурой белка.

2. Методы предсказания структуры белка.

3. Проблема расшифровки белковых структур.

#### **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 вкладками 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.**

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

23. 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>

24. 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:** Предсказание вторичной структуры белка.

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

1. Вторичная структура белка.

2. Методы предсказания вторичной структуры белка.

3. Склонность к формированию вторичной структуры.

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

1. Что такое рономер?

2. Что такое конфомер?

2. Какие методы предсказания вторичной структуры белка известны?

#### **Рекомендуемая литература.**

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

26. 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>

27. 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:** Предсказание трёхмерной структуры белков.

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

1. Третичная структура белка.
2. Базы данных структур белков и поиска гомологии в белковых семействах.
3. Гомологическое моделирование.
4. Распознавание фолда.
5. Белковый трединг.

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

1. Перечислите шаги алгоритма гомологического моделирования трёхмерной структуры белков.
2. Что такое белковый трединг?
3. Какие две методики необходимо использовать для успешного распознавания структуры белка с использованием трединга?

#### **Рекомендуемая литература.**

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

29. 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>

30. 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 № 13-14**

**Тема:** Программы предсказания белков. Проблемы в предсказании функции белка.

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

1. Программы предсказания белков.
2. Дивергенция функций: ортологи и паралоги.
3. Проблемы в предсказании функции белка.

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

1. Проблемы определения функции белков количественно.
2. Какие энергетические вклады необходимо учитывать при оценке конформационной энергии?
3. Для преодоления каких двух проблем в задаче предсказания структуры белка был разработан метод молекулярной динамики

#### **1. Рекомендуемая литература.**

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

32. 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>

33. 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:** Анализ белковой экспрессии.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Экспрессия генов.
2. Секвенирование белков.
3. Анализ белков.

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

1. Что называется профилем экспрессии клетки?
2. В чём состоит анализ экспрессии белка?
3. Что такое изоэлектрофокусировка?
4. В каких областях человеческой деятельности используются результаты секвенирования?

**Рекомендуемая литература.**

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

35. 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>

36. 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:** Метод моделирования по гомологиям.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Построение модели по гомологии
2. Шаги моделирования по гомологии
3. Распознавание фолда.

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

1. Какие шаги моделирования по гомологии принято использовать?
2. Как распознать фолд?
3. Вычисление конформационной энергии и молекулярная динамика.

**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:** Базы данных пространственных структур биополимеров.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Базы данных пространственных структур биополимеров: примеры.
2. Функции баз данных структур.

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

1. Информация, содержащаяся в базах данных пространственных структур биополимеров?
2. Идентификационный номер.

### **Рекомендуемая литература.**

4. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
5. 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>
6. 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 № 18-19**

**Тема:** Матрицы замен.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Мера сходства последовательностей.
2. Вес операций редактирования.
3. Матрицы PAM.
4. Матрицы BLOSUM.
5. Вычисления счёта выравнивания.

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

1. Какие существуют два метода количественного измерения расстояния между двумя данными строками последовательностей?
2. Какие бывают виды штрафов за делеции?
3. Что такое матрица PAM?
4. В чём отличие принципа построения матриц BLOSUM от PAM?

### **Рекомендуемая литература.**

7. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
8. 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>
9. 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 № 20**

**Тема:** Итоговое модульное занятие №2

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

1. Чем занимается структурная и функциональная протеомика?

2. Какую информацию получают при моделировании белка по гомологии.
3. Какие две причины не позволяют предсказать структуру белка, опираясь только на основные физические принципы?
4. Разность между какими двумя противоположными вкладами определяет энергию стабилизации белка?
5. 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?
6. Какой альтернативный подход используется для предсказания структуры белка, если для данного белка не известны подходящие гомологи?
7. Что такое ротомер?
8. Что такое конфомер?
9. Какие методы предсказания вторичной структуры белка известны?
10. Перечислите шаги алгоритма гомологического моделирования трёхмерной структуры белков.
11. Что такое белковый трединг?
12. Какие две методики необходимо использовать для успешного распознавания структуры белка с использованием трединга?
13. Проблемы определения функции белков количественно.
14. Какие энергетические вклады необходимо учитывать при оценке конформационной энергии?
15. Для преодоления каких двух проблем в задаче предсказания структуры белка был разработан метод молекулярной динамики
16. Что называется профилем экспрессии клетки?
17. В чём состоит анализ экспрессии белка?
18. Что такое изоэлектрофокусировка?
19. В каких областях человеческой деятельности используются результаты секвенирования?
20. Какие шаги моделирования по гомологии принято использовать?
21. Как распознать фолд?
22. Вычисление конформационной энергии и молекулярная динамика.
23. Информация, содержащаяся в базах данных пространственных структур биополимеров?
24. Идентификационных номер.
25. Какие существуют два метода количественного измерения расстояния между двумя данными строками последовательностей?
26. Какие бывают виды штрафов за делеции?
27. Что такое матрица PAM?
28. В чём отличие принципа построения матриц BLOSUM от PAM?

### **Рекомендуемая литература.**

10. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
11. 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>
12. 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:** Биологическая классификация и номенклатура.

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

1. Биологическая номенклатура.
2. Биологическая номенклатура.

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

1. Перечислите уровни иерархии биологической номенклатуры на примере человека.
2. Какие органы называются гомологичными?
3. Чем отличается дивергентная и конвергентная эволюции?

#### **Рекомендуемая литература.**

13. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
14. 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>
15. 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:** Поиск схожих последовательностей в базах данных.

#### **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.**

16. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
17. 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>

18. 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**

**Тема:** Определение понятия "информация". Генетическая информация.

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

1. Что такое информация.
2. Количество информации.
3. Свойства информации.
4. Генетическая информация.
2. Молекулярная эволюция.

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

1. Сформулируйте определение понятия "информация", которое наиболее адекватно для биологических применений.
2. Что такое фиксируемость информации?
3. Что такое инвариантность информации?
4. Что такое брэнность информации?
5. Что такое изменчивость информации?
6. Что такое транслируемость информации?
7. Что такое размножаемость информации?
8. Что такое мультипликативность информации?
9. Что такое действенность информации?
10. Что такое оператор, порождаемый информацией?
11. Что такое семантика информации?
12. Что такое полипотентность информации?
13. Что такое полезность информации?
14. Что такое истинность информации?
15. Что такое рецепция информации? Какие выделяют два способа рецепции?
16. Каким образом происходит запоминание информации?
17. Чем различаются макроинформация и микроинформация?

#### **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 № 24**

**Тема:** Геномика. Картографирование генома.

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

1. Предмет геномики.
2. Определение генома.
3. Генетические карты.

4. Функциональная геномика.
5. Сравнительная геномика.
6. Расшифровка полной геномной последовательности ДНК
7. Сиквенс.

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

1. Что такое геном?
2. Чем занимается структурная, функциональная и сравнительная геномика?
3. Что такое генетическая карта?
4. Какие четыре типа ДНК-маркеров используются при составлении карты генома человека?

**Рекомендуемая литература.**

8. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
9. 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>
10. 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:** Функционирование и организация геномов. Геномы прокариот.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Особенности геномов прокариот.
2. Плазмиды.
3. Функционирование генома прокариот.

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

1. Какая часть генома бактерии *E. coli* собрана в опероны?
2. Какая часть генома бактерии *E. coli* кодирует ферменты?
3. Какие особенности набора ферментов бактерии *E. coli* обеспечивают её метаболическую гибкость?
4. Как паразитический образ жизни бактерии *M. genitalium* отразился на составе её генома?

**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:** Функционирование и организация геномов. Геномы эукариот.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Особенности геномов эукариот.

2. Функционирование генома эукариот.

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

1. Что такое джанк-ДНК в геноме эукариот?
2. Что такое паралоги и чем они отличаются от ортологов? 1
3. Из каких элементов состоят все гены гемоглобина и миоглобина человека?
4. Назовите две причины, вследствие которых геном дрожжей в кодирующих участках плотней, чем известные геномы более сложных эукариот?

**Рекомендуемая литература.**

3. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
4. 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>
5. 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**

**Тема:** Генные мутации.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Генные мутации.
2. Генная диагностика и генотерапия.
3. Биологические модели генетических болезней.

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

1. Каких результатов можно добиться внесением в клетку рекомбинантных ДНК, и какие существуют проблемы при этом?
2. Приведите примеры того, как сравнительный анализ геномов человека и лабораторных животных помогает исследовать этиологию болезней.
3. Из каких компонентов состоит генная сеть?

**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 № 28**

**Тема:** Однонуклеотидные полиморфизмы.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Определение однонуклеотидных полиморфизмов.
2. SNP.

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

1. Что такое однонуклеотидный полиморфизм?
2. Какой снп (SNP) приводит к серповидно-клеточной анемии?

3. Почему плотность снипов (SNP) внутри областей, содержащих гены, выше средней?
4. Как данные об SNP используются в эволюционной биологии?

#### **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**

**Тема:** Горизонтальный перенос генов.

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

1. Определение горизонтального переноса генов.
2. Механизмы горизонтального переноса генов.

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

1. Что такое горизонтальный перенос генов?
2. Почему, несмотря на то, что важность горизонтального переноса генов ясна и очевидна, данный механизм рассматривался долгое время как редкий и не играющий особой роли в эволюции?

#### **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 № 30**

**Тема:** Анализ последовательностей нуклеотидов.

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

1. Гомология.
2. Ортология.
3. Паралогия.
4. **Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.**
  1. Что означает гомология?
  2. Чем гомология отличается от подобия?
  3. Какие гены называются ортологами?
  4. Какие гомологичные последовательности называются паралогичными?

#### **Рекомендуемая литература.**

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

3. 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>

4. 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:** Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы.

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

1. Матрицы аминокислотных замен.
2. Парное выравнивание.
3. Множественное выравнивание.

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

1. Что называется выравниванием биологических последовательностей?
  2. Какие три типа изменений происходят в процессе эволюционного расхождения последовательностей от общего предка?
  3. Что такое глобальное выравнивание последовательностей?
  4. Что такое локальное выравнивание последовательностей?
  5. В чём заключается поиск мотивов совпадения при выравнивании последовательностей?
- б. Что такое множественное выравнивание?

#### **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:** Выравнивание биологических последовательностей. Парное выравнивание.

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

1. Выравнивание последовательностей.
  2. Точечная матрица.
  3. Парное выравнивание.
- Значимость выравниваний.

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

1. Что называется выравниванием биологических последовательностей?
2. Что такое парное выравнивание 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 № 33**

**Тема:** Глобальное выравнивание.

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

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

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

1. 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.**

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

5. 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>

6. 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**

**Тема:** Локальное выравнивание.

#### **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 № 35**

**Тема:** Выравнивание биологических последовательностей. Множественное выравнивание.

#### **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.**

4. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск. – Бином. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
5. 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>
6. 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**

**Тема:** Статистическая значимость выравниваний. Применение выравнивания в биоинформатике.

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

1. Статистические тесты.
2. Применение выравнивания в биоинформатике.

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

1. Для чего применяются выравнивания последовательностей?
2. Практическое применение выравнивания последовательностей?
3. Какие статистические тесты применяются в биоинформатике для анализа выравниваний?

#### **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 № 37**

### **Тема: Итоговое модульное занятие №3**

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

1. Перечислите уровни иерархии биологической номенклатуры на примере человека.
2. Какие органы называются гомологичными?
3. Чем отличается дивергентная и конвергентная эволюции?
4. Что такое ложные отрицательные и ложные положительные результаты поиска?
5. Для чего предназначена программа BLAST?
6. Что такое nucleotide blast?
7. Перечислите алгоритмы, которые используются в nucleotide blast.
8. Что такое protein blast?
9. Перечислите алгоритмы, которые используются в protein blast.
10. Что такое blastx?
11. Что такое tblastn?
12. Что такое tblastx?
13. Что такое megablast?
14. Что такое psi-blast?
15. Сформулируйте определение понятия "информация", которое наиболее адекватно для биологических применений.
16. Что такое фиксируемость информации?
17. Что такое инвариантность информации?
18. Что такое брэнность информации?
19. Что такое изменчивость информации?
20. Что такое транслируемость информации?
21. Что такое размножаемость информации?
22. Что такое мультипликативность информации?
23. Что такое действенность информации?
24. Что такое оператор, порождаемый информацией?
25. Что такое семантика информации?
26. Что такое полипотентность информации?
27. Что такое полезность информации?
28. Что такое истинность информации?
29. Что такое рецепция информации? Какие выделяют два способа рецепции?
30. Каким образом происходит запоминание информации?
31. Чем различаются макроинформация и микроинформация?
32. Что такое геном?
33. Чем занимается структурная, функциональная и сравнительная геномика?
34. Что такое генетическая карта?

35. Какие четыре типа ДНК-маркеров используются при составлении карты генома человека?
36. Какая часть генома бактерии *E. coli* собрана в опероны?
37. Какая часть генома бактерии *E. coli* кодирует ферменты?
38. Какие особенности набора ферментов бактерии *E. coli* обеспечивают её метаболическую гибкость?
39. Как паразитический образ жизни бактерии *M. genitalium* отразился на составе её генома?
40. Что такое джанк-ДНК в геноме эукариот?
41. Что такое паралоги и чем они отличаются от ортологов? 1
42. Из каких элементов состоят все гены гемоглобина и миоглобина человека?
43. Назовите две причины, вследствие которых геном дрожжей в кодирующих участках плотней, чем известные геномы более сложных эукариот?
44. Каких результатов можно добиться внесением в клетку рекомбинантных ДНК, и какие существуют проблемы при этом?
45. Приведите примеры того, как сравнительный анализ геномов человека и лабораторных животных помогает исследовать этиологию болезней.
46. Из каких компонентов состоит генная сеть?
47. Что такое однонуклеотидный полиморфизм?
48. Какой снип (SNP) приводит к серповидно-клеточной анемии?
49. Почему плотность снипов (SNP) внутри областей, содержащих гены, выше средней?
50. Как данные об SNP используются в эволюционной биологии?
51. Что такое горизонтальный перенос генов?
52. Почему, несмотря на то, что важность горизонтального переноса генов ясна и очевидна, данный механизм рассматривался долгое время как редкий и не играющий особой роли в эволюции?
53. Что означает гомология?
54. Чем гомология отличается от подобия?
55. Какие гены называются ортологами?
56. Какие гомологичные последовательности называются паралогичными?
57. Что называется выравниванием биологических последовательностей?
58. Какие три типа изменений происходят в процессе эволюционного расхождения последовательностей от общего предка?
59. Что такое глобальное выравнивание последовательностей?
60. Что такое локальное выравнивание последовательностей?
61. В чём заключается поиск мотивов совпадения при выравнивании последовательностей? б. Что такое множественное выравнивание?

#### **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:** Протеомика. Структура белков и информация.

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

1. Протеомика. Определение.
2. Функциональная протеомика.
3. Структура белков и информация..

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

1. Чем занимается структурная и функциональная протеомика?
2. Каковы три основные стадии исследования протеома?

#### **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:** Анализ гомологов и функциональные сигналы. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты.

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

1. Анализ гомологов и функциональные сигналы.
2. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты.

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

1. Что такое лидерные пептиды?
2. Определение трансмембранных сегментов?
3. Алгоритмы анализа гомологов.

#### **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:** Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты.

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

1. Лидерные пептиды. Лидерная последовательность.
2. Трансмембранные сегменты. Функции.

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

1. Что такое лидерные пептиды?
2. Определение трансмембранных сегментов?

### **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:** Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Гликозилирование.
2. Фосфорилирование.
3. Ацетилирование.
4. Метилирование.

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

1. Какие сайты модификации белков известны?
2. Функциональная значимость сайтов модификации 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 № 42**

**Тема:** Филогенетический анализ. Модели эволюции.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Гомология.
2. Филогения.
3. Фенетика.
4. Модели эволюции.

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

1. Что называется филогенетической схемой?
2. Что такое филогения?
3. Что такое фенетика?
4. Что такое кладистика?

5. Что называется кластеризацией?

6. Что называется кладом?

7. **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 № 43**

**Тема:** Эволюция на уровне генома. Гомология.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Филогенетический анализ.

2. Гомология.

3. Методы изучения эволюции генома.

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

1. В чём суть кладистического метода наибольшей экономии?

2. В чём суть кладистического метода наибольшего правдоподобия?

3. Как переменная скорость эволюции влияет на результаты филогенетического анализа?

**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 № 43**

**Тема:** Инструменты филогенетического анализа.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Программы филогенетического анализа.

2. Базы данных для филогенетического анализа.

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

1. Какие программы используют для филогенетического анализа? Современный взгляд.

2. Какие базы данных используют при проведении филогенетического анализа?

**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 № 44-45**

**Тема:** Алгоритмы построения филогенетических деревьев (методы максимального правдоподобия, максимальной парсимонии, Neighbour Joining).

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

1. Методы кластеризации.
2. Кладистические методы.
3. Вычислительный анализ.

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

1. Какие методы кластеризации известны?
2. Методы максимального правдоподобия.
3. Метод максимальной парсимонии.
4. Neighbour Joining.

#### **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 № 46**

**Тема:** Реконструкция филогенетических деревьев.

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

1. Методы реконструкции филогенетических деревьев.
2. Анализ филогенетических деревьев, полученных с помощью различных методов.

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

1. Какие методы реконструкции филогенетических деревьев известны?
2. Алгоритм анализа филогенетических деревьев, полученных с помощью различных методов.

#### **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 № 47**

**Тема:** Подходы, алгоритмы и базы данных для интеграции данных.

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

1. Идентификаторы записей в базах данных.
2. Типы баз данных.
3. Основные форматы данных в биоинформатике.

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

1. Какие идентификаторы баз данных известны.
2. Классификация баз данных.
3. Какие форматы данных используются в базах 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 № 48**

**Тема:** Секвенирование биологических последовательностей.

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

1. Определение сиквенса
2. Методы секвенирования.
3. Использование результатов секвенирования.

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

1. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
2. В каких случаях проводится секвенирование биологических последовательностей?
3. В каких областях человеческой деятельности используются результаты секвенирования?

#### **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 № 49**

**Тема:** Секвенирование биологических последовательностей.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Определение сиквенса
2. Методы секвенирования.
3. Использование результатов секвенирования.

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

1. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
2. В каких случаях проводится секвенирование биологических последовательностей?
3. В каких областях человеческой деятельности используются результаты секвенирования?

### **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 № 50**

**Тема:** Определение сиквенса. Открытая рамка считывания.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Определение сиквенса.
2. Открытая рамка считывания. Характеристика.

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

1. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
2. Что такое открытая рамка считывания?
3. Функциональное значение открытой рамки считывания.

### **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 № 51**

**Тема:** Методы секвенирования ДНК.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Методы секвенирования ДНК.

2. Преимущества и недостатки каждого метода секвенирования ДНК.

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

1. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
2. Какие методы секвенирования ДНК известны?
3. Недостатки и преимущества различных методов секвенирования ДНК.

**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 № 51**

**Тема: Итоговое модульное занятие №4**

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

1. Чем занимается структурная и функциональная протеомика?
2. Каковы три основные стадии исследования протеома?
3. Что такое лидерные пептиды?
4. Определение трансмембранных сегментов?
5. Алгоритмы анализа гомологов.
6. Какие сайты модификации белков известны?
7. Функциональная значимость сайтов модификации белков?
8. Что называется филогенетической схемой?
9. Что такое филогения?
10. Что такое фенетика?
11. Что такое кладистика?
12. Что называется кластеризацией?
13. Что называется кладом?
14. В чём суть кладистического метода наибольшей экономии?
15. В чём суть кладистического метода наибольшего правдоподобия?
16. Как переменная скорость эволюции влияет на результаты филогенетического анализа?
17. Какие программы используют для филогенетического анализа? Современный взгляд.
18. Какие бызы данных используют при проведении филогенетического анализа?
19. Какие методы кластеризации известны?
20. Методы максимального правдоподобия.
21. Метод максимальной парсимонии.
22. Neighbour Joining.
23. Какие методы реконструкции филогенетических деревьев известны?
24. Алгоритм анализа филогенетических деревьев, полученных с помощью различных методов.
25. Какие идентификаторы баз данных известны.
26. Классификация баз данных.

27. Какие форматы данных используются в базах данных?
28. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
29. В каких случаях проводится секвенирование биологических последовательностей?
30. В каких областях человеческой деятельности используются результаты секвенирования?
31. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
32. В каких случаях проводится секвенирование биологических последовательностей?
33. В каких областях человеческой деятельности используются результаты секвенирования?

#### **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 № 52**

**Тема:** Сборка генома. Понятие о сборках генома de-novo и по референсу.

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

1. Сборка генома.
2. Сборках генома de-novo.
3. Сборках генома по референсу.

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

1. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
2. Что такое сборка генома?
3. Особенности сборки генома de-novo.
4. Особенности сборки генома по референсу.

#### **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 № 53**

**Тема:** Применение графов в алгоритмах сборки геномов de-novo.

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

1. Определение граф.

2. Алгоритм применения графов в алгоритмах сборки геномов de-novo.

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

1. Что граф?
2. Классификация графов?
3. Методы сборки с использованием графов.

**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 № 54**

**Тема:** Картирование ридов для нахождения SNP.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Проблемы при секвенировании:
2. Картирование ридов для нахождения SNP

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

1. Вариабельность генома и ошибки секвенирования?
2. Повторяющиеся элементы.
3. Основные подходы при картировании ридов.

**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 № 55**

**Тема:** Понятие фингерпринта.

**Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Понятие фингерпринта.
2. Методы фингерпринта.
3. Ограничения фингерпринта.

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

1. Что такое фингерпринт?
2. Какие методы фингерпринта используются?

**Рекомендуемая литература.**

2. 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 № 56**

**Тема:** Омикс-технологии.

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

1. Омикс-биомаркеры.
2. Использование омикс-технологий в диагностике неинфекционных заболеваний.

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

1. Что такое биомаркер?
2. Омиксные методы.
3. Применение в медицинской практике омикс-технологий.

#### **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 № 57**

**Тема:** Протеогеномика.

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

1. Определение протеогеномики.
2. Предсказание белка.
3. Аннотирование последовательности.
4. Особенности современного анализа геномных данных.

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

1. Что такое биомаркер?
2. Методы предсказания белка.
3. Что такое аннотирование последовательности?

#### **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 № 58**

**Тема:** Идентификация посттрансляционных модификаций.

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

1. Модификация главной цепи
2. Модификация боковых цепей аминокислот
3. Обнаружение посттрансляционных модификаций
4. Функциональное значение.

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

1. Виды посттрансляционных модификаций?
2. Методы идентификации посттрансляционных модификаций.
3. Применение в медицинской практике.

#### **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 № 59**

**Тема:** Использование результатов секвенирования. Мировые репозитории данных.

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

1. Направления использования результатов секвенирования в медицине и биологии.
2. Крупные репозитории онлайн-сервисов.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Где и в медицине и биологии используются результаты секвенирования?
2. Для чего используются и как устроены биологические базы данных?
3. Классификации биологических 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 № 60**

**Тема:** Итоговое модульное занятие №5

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

1. Что такое секвенирование и какую роль играет секвенирование в биоинформатике?
2. Что такое сборка генома?
3. Особенности сборки генома de-novo.
4. Особенности сборки генома по референсу.
5. Что граф?
6. Классификация графов?
7. Методы сборки с использованием графов.
8. Вариабельность генома и ошибки секвенирования?
9. Повторяющиеся элементы.
10. Основные подходы при картировании ридов.
11. Что такое фингерпринт?
12. Какие методы фингерпринта используются?
13. Что такое биомаркер?
14. Омиксные методы.
15. Применение в медицинской практике омикс-технологий.
16. Что такое биомаркер?
17. Методы предсказания белка.
18. Что такое аннотирование последовательности?
19. Виды посттрансляционных модификаций?
20. Методы идентификации посттрансляционных модификаций.
21. Где и в медицине и биологии используются результаты секвенирования?
22. Для чего используются и как устроены биологические базы данных?
23. Классификации биологических 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 № 61**

**Тема:** Метагеномика. Виды и форматы метагеномных данных.

### **Перечень рассматриваемых вопросов:**

1. Определение метагенома.
2. Виды метагеномных данных.
3. Форматы метагеномных данных.

Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Что такое метагеном?
2. Виды и форматы метагеномных данных.
3. Применение в биологии и медицине?

#### **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 № 62**

**Тема:** Конвейерная обработка метагеномных данных.

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

1. Программное обеспечение и сервисы по исследованию метагеномных данных
2. Конвейерная обработка метагеномных данных.

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

1. Программное обеспечение по исследованию метагеномных данных
2. Сервисы по исследованию метагеномных 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 № 63-64**

**Тема:** Метагеном кишечника человека. Базы данных.

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

1. Метагеномика в изучении микробиоты кишечника человека.
2. Ограничения в применении метагеномики
3. Метагеномные web-сервисы, которые можно использовать при анализе данных.

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

1. Метогеномные технологии при изучении микробиоты кишечника человека.
2. Какие базы данных используются при метагеномных технологиях.

#### **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 № 65**

**Тема:** История генома человека. Представление о расшифровке генома.

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

1. Проект «Геном человека». История.
2. Направления расшифровки генома человека.
3. Проблемы в расшифровке генома человека.

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

1. Суть проекта «Геном человека». Исторические сведения.
2. Успехи и проблемы в расшифровке генома человека.

#### **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 № 66**

**Тема:** Разнообразие генома людей. Уникальность информации.

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

1. Разнообразие генома людей. Проект «Геном человека». История.
2. Уникальность информации.

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

1. Что такое уникальность информации.
2. Разнообразие геномов людей.
3. Многофакторность заболеваний

#### **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 № 67-68**

**Тема:** Базы данных по геному человека. Инструменты для работы с геномом.

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

1. Базы данных по геному человека.
2. Инструменты для работы с геномом.

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

1. Перечень современных баз данных по исследованию генома человека. Их особенности.
2. Какие инструменты для работы с геномом человека используются в современной биоинформатике?

#### **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 № 69**

**Тема:** Биоинформатика в фармации.

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

1. Основные направления работы биоинформатических приемов в фармации.
2. Практическое применение биоинформатики в фармации.

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

1. Где в современной фармации необходимо применять биоинформатические методы?
2. Современные достижения биоинформатики в фармации.

#### **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 № 70

**Тема:** Медицинская геномика и фармакогеномика.

### Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Медицинская геномика. Определение.
2. Фармакогеномика. Определение.
3. Генные полиморфизмы фармакологических мишеней.
4. Генные полиморфизмы метаболических ферментов.
5. Возможности индивидуального подхода к лекарственной терапии.

### Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Чем занимается фармакогеномика?
2. Что такое фармакологическая мишень?
3. Приведите примеры того, как генные полиморфизмы соответствуют изменениям чувствительности к терапевтическому действию определённых препаратов.
4. Чем отличается моногенные и полигенные вариации метаболических путей?
5. Приведите примеры того, как от генных полиморфизмов фармакологических мишеней может зависеть индивидуальная предрасположенность к побочным реакциям на лекарства.
6. За счёт чего учёт генных полиморфизмов облегчает возможность индивидуального подхода к лекарственной терапии?

### 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 № 71

**Тема:** Глобальная фармацевтическая промышленность. Открытие и разработка лекарств.

### Перечень рассматриваемых вопросов:

1. Этапы разработки лекарственных препаратов.
2. Лидерное соединение. Определение. Критерии.
3. Эмпирический и рациональный методы разработки лекарственных препаратов.
4. Фазы обязательных клинических испытаний лекарственных препаратов.

### Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Перечислите этапы процесса разработки нового лекарственного препарата.
2. Что такое лид? Каким критериям должен удовлетворять лид?
3. Охарактеризуйте обязательные фазы клинических испытаний лекарств.
4. Назовите способы обнаружения лидов?
5. Какие рецепторы являются самой многочисленной группой белков-мишеней?
6. Как классифицируют модуляторы фармакологических мишеней?

### Рекомендуемая литература.

2. 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 № 72**

**Тема:** Фармакоинформатика.

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

1. Фармакоинформатика. Определение.
2. Химические библиотеки.
3. Фармакофор.
4. Методы анализа количественных взаимосвязей структура-активность.

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

1. Какую дисциплину называют фармакоинформатикой?
2. Что такое химическое пространство?
3. Что такое фармакофор?
4. Что такое молекулярный докинг

#### **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 № 73**

**Тема:** Компьютерная токсикология и иммуноинформатика.

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

1. Компьютерная токсикология.
2. Иммуноинформатика. Определение. Задачи.
3. Иммунологические базы данных.

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

1. Какие клетки называются иммунокомпетентными?
2. В чём заключается комбинаторность иммунологии?
3. Какие системы в иммунологии являются объектами информационного исследования?
4. В чём состоит задача иммуноинформатики?

#### **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 № 74

Тема: **Итоговое модульное занятие №6**

### Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.

1. Определение метагенома.
2. Виды метагеномных данных.
3. Форматы метагеномных данных.
4. Вопросы для самоподготовки к освоению данной темы.
5. Что такое метагеном?
6. Виды и форматы метагеномных данных.
7. Применение в биологии и медицине?
8. Программное обеспечение по исследованию метагеномных данных
9. Сервисы по исследованию метагеномных данных
10. Метогеномные технологии при изучении микробиоты кишечника человека.
11. Какие бызы данных используются при метагеномных технологиях.
12. Суть проекта «Геном человека». Исторические сведения.
13. Успехи и проблемы в расшифровке генома человека.
14. Что такое уникальность информации.
15. Разнообразие геномов людей.
16. Многофакторность заболеваний
17. Перечень современных баз данных по исследованию генома человека. Их особенности.
18. Какие инструменты для работы с геномом человека используются в современной биоинформатике?
19. Где в современной фармации необходимо применять биоинформатические методы?
20. Современные достижения биоинформатики в фармации.
21. Чем занимается фармакогеномика?
22. Что такое фармакологическая мишень?
23. Приведите примеры того, как генные полиморфизмы соответствуют изменениям чувствительности к терапевтическому действию определённых препаратов.
24. Чем отличается моногенные и полигенные вариации метаболических путей?
25. Приведите примеры того, как от генных полиморфизмов фармакологических мишеней может зависеть индивидуальная предрасположенность к побочным реакциям на лекарства.
26. За счёт чего учёт генных полиморфизмов облегчает возможность индивидуального подхода к лекарственной терапии?
27. Перечислите этапы процесса разработки нового лекарственного препарата.
28. Что такое лид? Каким критериям должен удовлетворять лид?

29. Охарактеризуйте обязательные фазы клинических испытаний лекарств.
30. Назовите способы обнаружения лидов?
31. Какие рецепторы являются самой многочисленной группой белков-мишеней?
32. Как классифицируют модуляторы фармакологических мишеней?
33. Какую дисциплину называют фармакоинформатикой?
34. Что такое химическое пространство?
35. Что такое фармакофор?
36. Что такое молекулярный докинг
37. Какие клетки называются иммунокомпетентными?
38. В чём заключается комбинаторность иммунологии?
39. Какие системы в иммунологии являются объектами информационного исследования?
40. В чём состоит задача иммуоинформатики?

#### **Рекомендуемая литература.**

2. 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  
«Биоинформатика»**

№ 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

**Сведения о кадровом обеспечении,  
необходимом для осуществления образовательного процесса по дисциплине  
«Биоинформатика»**

Ф.И.О. 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 РосНИПЧИ «Микроб»); «Полимеразная цепная реакция в диагностике инфекционных болезней и индикации патогенных микроорганизмов» (2015 г. ФКУЗ РосНИПЧИ «Микроб»); Повышение квалификации «Информационные технологии в	Профессиональная переподготовка по программе «Педагог профессионального обучения, профессионального образования и дополнительного профессионального образования» (2017 г. ГАПОУ СО ЭМК; Педагог профессионального образования	18	7 2004-2016 –ФКУН РосНИПЧИ «Микроб», отдел молекулярной микробиологии, младший научный сотрудник, научный сотрудник, старший научный сотрудник

							образовании и науке» (СГМУ 2022); Бактериология (2022, СГМУ) Профессиональная переподготовка «Машинное обучение на Python для решения биоинформатических задач»( Бластим, Москва, 72 ч., 2023)	(2022, СГМУ)		
Попов Дмитрий Алексеевич	Штатный сотрудник	Ассистент	Клеточные технологии, Медицинская биология	СГМУ, 2022	Специалитет. Педиатрия, квалификация - врач-педиатр	0,08	Профессиональная переподготовка «Машинное обучение на Python для решения биоинформатических задач»( Бластим, Москва, 72 ч., 2023)	Профессиональная переподготовка «Преподаватель высшей школы (СГМУ, 2023)	1	
Шереметьева Анна Сергеевна	Внутренний совместитель	Старший преподаватель	Клеточная биология и гистология, основы	СГМУ, 2013	высшее, специалитет, фармация, провизор, интернатура: управление и экономика	0,08	Интернатура по специальности «Управление и экономика фармации» (СГМУ, 2014),	Профессиональная переподготовка «Преподаватель высшей	10	

			экологи и охраны природы, фармакогнозия,		фармации, профессиональная переподготовка: преподаватель высшей школы		Повышение квалификации «Фундаментальные проблемы общей и клинической патологии (МАНПО,2018 ), удостоверение о Повышение квалификации «Фармацевтическая химия и фармакогнозия , (РУДН, 2018), Повышение квалификации «Содержание и предмет дисциплины фармакогнозия в условиях реализации нового ФГОС ВО по специальности Фармация» (1МГМУ им. И.М. Сеченова, 2019), Повышение квалификации «Управление и экономика фармации»	школы (СГМУ,2018), Повышение квалификации «Особенности преподавания современной биомедицины в системе непрерывного медицинского образования (РМАНПО 2021); Повышение квалификации «Педагог профессионального образования (СГМУ, 2021).		
--	--	--	--	--	--	--	---	--	--	--

							<p>(СГМУ, 2020); Повышение квалификации «Информацион ные технологии в образовании и науке», (СГМУ 2021); Повышение квалификации "Управленческ ий турнир: конкурентоспо собность университета" (МШУ "Сколково", 2022); Повышение квалификации «Анализ данных в биологии» (ФГАОУ ВО БФУ им. Канта, 2022)</p>			
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--