

Документ подписан простой электронной подписью  
Информация о владельце:  
ФИО: Ястребов Олег Александрович  
Должность: Ректор  
Дата подписания: 26.05.2023 12:11:06  
Уникальный программный ключ:  
ca953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

**Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования  
«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»**

**Институт биохимической технологии и нанотехнологии (ИБХТН)**

(наименование основного учебного подразделения (ОУП)-разработчика ОП ВО)

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**

«Введение в биоинформатику»

(наименование дисциплины/модуля)

**Рекомендована МССН для направления подготовки/специальности:**

04.04.01 «Химия»

(код и наименование направления подготовки/специальности)

**Освоение дисциплины ведется в рамках реализации основной профессиональной образовательной программы высшего образования (ОП ВО):**

«Биохимические технологии и нанотехнологии»

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

**2023 г.**

## 1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Целью освоения дисциплины «Введение в биоинформатику» является формирование у обучающихся представления о биоинформатике, соответствующих вычислительных методах, осуществлении экспериментальных работ по молекулярной биологии, биохимии, генетики, а также разработке алгоритмов компьютерного анализа данных геномики и протеомики, программ, позволяющих предсказывать пространственную структуру биополимеров.

## 2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Введение в биоинформатику» направлено на формирование у обучающихся следующих компетенций (части компетенций):

Таблица 2.1. Перечень компетенций, формируемых у обучающихся при освоении дисциплины (результаты освоения дисциплины)

Шифр	Компетенция	Индикаторы достижения компетенции (в рамках данной дисциплины)
<b>ОПК-3.</b>	Способен использовать вычислительные методы и адаптировать существующие программные продукты для решения задач профессиональной деятельности	<b>ОПК-3.2.</b> Использует стандартные и оригинальные программные продукты, при необходимости адаптируя их для решения задач профессиональной деятельности; <b>ОПК-3.3.</b> Использует современные вычислительные методы для обработки данных химического эксперимента, моделирования свойств веществ (материалов) и процессов с их участием.
<b>ОПК-5.</b>	Способен использовать инструментарий формализации инженерных, научно-технических задач, прикладное программное обеспечение для моделирования и проектирования объектов, систем и процессов	<b>ОПК-5.2.</b> Способен применять методы математического моделирования в инженерных и биологических исследованиях, проводить анализ данных. <b>ОПК-5.3.</b> Знает принципы комплексного моделирования сложных систем, построения прикладных моделей, способы обработки данных с помощью алгоритмических языков программирования, математического описания поведения объектов, систем и процессов.

## 3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Введение в биоинформатику» входит в часть, формируемую участниками образовательного процесса, и является дисциплиной по выбору блока 1 учебного плана профиля «Биохимические технологии и нанотехнологии».

В рамках ОП ВО обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Введение в биоинформатику».

Таблица 3.1. Перечень компонентов ОП ВО, способствующих достижению запланированных результатов освоения дисциплины

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
ОПК-3.	Способен использовать вычислительные методы и адаптировать существующие программные продукты для решения задач профессиональной деятельности	Компьютерные технологии в научных исследованиях,	
ОПК-5.	Способен использовать инструментарий формализации инженерных, научно-технических задач, прикладное программное обеспечение для моделирования и проектирования объектов, систем и процессов	Компьютерные технологии в научных исследованиях	

\* - заполняется в соответствии с матрицей компетенций и СУП ОП ВО

#### 4. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ

Общая трудоемкость дисциплины «Введение в биоинформатику» составляет 3 зачетных единиц.

Таблица 4.1. Виды учебной работы по периодам освоения ОП ВО для **ОЧНОЙ** формы обучения

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.	Семестр(-ы)			
		1	2	3	4
Контактная работа, ак.ч.	40		40		
в том числе:					
Лекции (ЛК)	16		16		
Лабораторные работы (ЛР)	16		16		
Практические/семинарские занятия (СЗ)	8		8		
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	41		41		
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	27		27		
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	<b>108</b>	<b>108</b>		
	зач.ед.	<b>3</b>	<b>3</b>		

Таблица 4.2. Виды учебной работы по периодам освоения ОП ВО для **ОЧНО-ЗАОЧНОЙ** формы обучения

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.	Семестр(-ы)			
		1	2	3	4
Контактная работа, ак.ч.	32		32		
в том числе:					
Лекции (ЛК)	16		16		
Лабораторные работы (ЛР)	8		8		
Практические/семинарские занятия (СЗ)	8		8		
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	58		58		
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	18		18		
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	<b>108</b>		<b>108</b>	
	зач.ед.	<b>3</b>		<b>3</b>	

## 5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 5.1. Содержание дисциплины (модуля) по видам учебной работы

Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (темы)	Вид учебной работы*
Раздел 1. Введение	Тема 1.1. Цели, задачи и методы, основные приложения. Основные понятия. Аминокислоты, строение и свойства. ДНК, РНК, нуклеотиды. Анализ последовательностей.	ЛК, ПР, ЛР
Раздел 2. Базы данных	Интернет для биоинформатики. Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM), специализированные банки данных. Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.	ЛК, ПР, ЛР
Раздел 3. Уровни структурной организации белков	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.	ЛК, ПР, ЛР

Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (темы)	Вид учебной работы*
	Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания. Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике.	
Раздел 4. 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.	ЛК, ПР, ЛР
Раздел 5. Методы определения пространственной структуры биополимеров	Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей. Предсказание вторичной структуры. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Моделирование гомологов. Фолдинг и его распознавание.	ЛК, ПР, ЛР
Раздел 6. 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).	ЛК, ПР, ЛР
Раздел 7. 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.	ЛК, ПР, ЛР
Раздел 8. Актуальные проблемы биоинформатики	Аннотации генома, поиск генов, поиск сайтов репликации в геноме человека. Предсказание структуры, функции и клеточной локализации белков. Медицинская и хемоинформатика.	ЛК, ПР, ЛР

\* - заполняется только по **ОЧНОЙ** форме обучения: ЛК – лекции; ЛР – лабораторные работы; СЗ – семинарские занятия.

## 6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 6.1. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Тип аудитории	Оснащение аудитории	Специализированное учебное/лабораторное оборудование, ПО и материалы для освоения дисциплины (при необходимости)
Лекционная	Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, компьютерный класс № 622.	Комплект специализированной мебели; технические средства: 20 компьютеризированных рабочих мест: Моноблок Lenovo IdeaCentre 19.5" HD+Cel J1800/4Gb/500Gb/DVDRW/DOS/kb/m/черный 1600x900 (19 шт.), Моноблок Lenovo IdeaCentre 23" C560 (57331093) i3-4160T (3.1ГГц,)/4G/1Тб/DVD-SMulti/23FHD91920x1080)/NV 800M 2G/Wi-Fi/cam/White (1шт.). Обеспечен выход в интернет.
Семинарская	Учебная аудитория для проведения семинарских занятий, компьютерный класс № 622.	Комплект специализированной мебели; технические средства: 20 компьютеризированных рабочих мест: Моноблок Lenovo IdeaCentre 19.5" HD+Cel J1800/4Gb/500Gb/DVDRW/DOS/kb/m/черный 1600x900 (19 шт.), Моноблок Lenovo IdeaCentre 23" C560 (57331093) i3-4160T (3.1ГГц,)/4G/1Тб/DVD-SMulti/23FHD91920x1080)/NV 800M 2G/Wi-Fi/cam/White (1шт.). Обеспечен выход в интернет.
Практические занятия	Учебная аудитория для проведения практических занятий, компьютерный класс № 622.	Комплект специализированной мебели; технические средства: 20 компьютеризированных рабочих мест: Моноблок Lenovo IdeaCentre 19.5" HD+Cel J1800/4Gb/500Gb/DVDRW/DOS/kb/m/черный 1600x900 (19 шт.), Моноблок Lenovo IdeaCentre 23" C560 (57331093) i3-4160T

Тип аудитории	Оснащение аудитории	Специализированное учебное/лабораторное оборудование, ПО и материалы для освоения дисциплины (при необходимости)
		(3.1ГГц,)/4G/1Тб/DVD-SMulti/23FHD91920x1080)/NV 800M 2G/Wi-Fi/cam/White (1шт.). Обеспечен выход в интернет.
Аудитория для самостоятельной работы	Аудитория № 636 для самостоятельной работы обучающихся, оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютером с доступом в ЭИОС.	Комплект специализированной мебели; технические средства: Мультимедийный проектор Everycom Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3-2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB, 1шт Обеспечен выход в интернет. Комплект презентаций. Windows XP, Microsoft Office 2007, Microsoft Security Essentials

## 7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

### *Основная литература:*

1. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика : учебник / Н. Ю. Часовских. - Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5.

### *Дополнительная литература:*

2. Tore Samuelsson Genomics and Bioinformatics An Introduction to Programming Tools for Life Scientists From Bioinformatics Basics to Working Code - Эл. книга на платформе издательства Myilibrary.

### *Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:*

1. ЭБС РУДН и сторонние ЭБС, к которым студенты университета имеют доступ на основании заключенных договоров:

- Электронно-библиотечная система РУДН – ЭБС РУДН <http://lib.rudn.ru/MegaPro/Web>

- ЭБС «Университетская библиотека онлайн» <http://www.biblioclub.ru>

- ЭБС Юрайт <http://www.biblio-online.ru>

- ЭБС «Консультант студента» [www.studentlibrary.ru](http://www.studentlibrary.ru)

- ЭБС «Лань» <http://e.lanbook.com/>

- ЭБС «Троицкий мост»

## 2. Базы данных и поисковые системы:

- электронный фонд правовой и нормативно-технической документации  
<http://docs.cntd.ru/>

- поисковая система Яндекс <https://www.yandex.ru/>

- поисковая система Google <https://www.google.ru/>

-реферативная база данных SCOPUS  
<http://www.elsevierscience.ru/products/scopus/>

- Федеральный институт промышленной собственности (ФИПС)  
<https://new.fips.ru>

*Учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся при освоении дисциплины/модуля\*:*

\* - все учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся размещаются в соответствии с действующим порядком на странице дисциплины **в ТУИС!**

При проведении занятий и организации самостоятельной работы студентов используются традиционные технологии сообщающего обучения, предполагающие передачу информации в готовом виде, формирование учебных умений по образцу.

В рамках практических занятий реализуется взаимообучение слушателей курса - интерактивное обучение, в форме взаимоконтроля самостоятельной работы, совместного решение ситуационных задач, совместной разработка схем сложных процессов, обсуждения проблемных вопросов.

Самостоятельная работа студентов включает изучение основной и дополнительной литературы по данной дисциплине, подготовка выступлений на семинарах, подготовка творческих работ по вопросам иммунобиологических препаратов, их оформление в виде презентаций, а также подготовка и защита доклада по одной из предлагаемых тем.

## **8. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ И БАЛЛЬНО-РЕЙТИНГОВАЯ СИСТЕМА ОЦЕНИВАНИЯ УРОВНЯ СФОРМИРОВАННОСТИ КОМПЕТЕНЦИЙ ПО ДИСЦИПЛИНЕ**

Оценочные материалы и балльно-рейтинговая система оценивания уровня сформированности компетенций (части компетенций) по итогам освоения дисциплины «Введение в биоинформатику» представлены в Приложении к настоящей Рабочей программе дисциплины.

### **РАЗРАБОТЧИКИ:**

Ассистент ИБХТН, к.б.н. Кезимана Парфэ

### **РУКОВОДИТЕЛЬ ОУП:**

Директор ИБХТН, профессор д.х.н.



Я.М. Станишевский



**РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:**  
Директор ИБХТН, профессор д.х.н.

A handwritten signature in blue ink, appearing to read "Ya. Stan", with a long horizontal stroke extending to the left.

**Я.М. Станишевский**

**ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов»  
Институт биохимической технологии и нанотехнологии (ИБХТН)**

# **ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ**

## **ПО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЕ**

Введение в биоинформатику  
(наименование дисциплины)

04.04.01 – «Химия»  
(код и наименование направления подготовки)

«Биохимические технологии и нанотехнологии»  
(наименование профиля подготовки)

Магистр  
Квалификация (степень) выпускника

Паспорт фонда оценочных средств по дисциплине «Введение в Биоинформатику»

Код контролируемой компетенции	Контролируемый раздел дисциплины	Контролируемая тема дисциплины	ФОСы (формы контроля уровня освоения ООП)							Зачет/Итоговая работа	Баллы раздела	
			Аудиторная работа				Самостоятельная работа					
			Контрольная работа № 1	Контрольная работа № 2	Контрольная работа № 3	Выполнение лабораторной работы	Выполнение ДЗ	Реферат	СУРС			
ОПК-5, ОПК-3	Основы биоинформатики	Биоинформатика как научная дисциплина и связи с молекулярной биологией и другими дисциплинами	10							25	20	
		Набор информации, характеризующий биополимеры (белки, нуклеиновые кислоты) и форматы файлов, используемых в биоинформатике.										
	Биоинформационные базы данных.	Биологические БД, Классификация и типы, и другие сведения о БД		10					20			30
		База данных GenBank – NCBI. Репозиторные и аналитические функции GenBank.										
		Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам. Базы данных по метаболизму и её приложениям. Токсикологические базы данных.										
	Инструменты/методы для работы с информацией из биологических баз данных.	Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров. Онтологии генов.			10	25						50
		Алгоритмы сравнения. Выравнивание, локальное, глобальное. Множественное выравнивание. Работа с базами данных в Entrez BLAST и другие Интернет-сервисы для биоинформационного анализа										
		Филогенетический анализ и визуализации										
	Итого											100

**Вопросы для подготовки к зачету  
По дисциплине «Введение в биоинформатику»**

1. Первый вопрос из:

- Бионформатика: определение, основные понятия, цели и задачи.
- Взаимосвязи бионформатики с другими дисциплинами биологии
- Основы молекулярной биологии
- Методы секвенирования
- Биополимеры – белки, нуклеиновые кислоты.
- Последовательности аминокислот и нуклеотидов как основная информационная составляющая биоинформатики.
- Форматы файлов, используемых в биоинформатике.
- Запись аминокислотных последовательностей.
- Запись нуклеотидных последовательностей.
- База данных NCBI - GenBank.
- Источники биологической информации и базы данных
- Классификация и типы баз данных.
- Всеобъемлющие, универсальные и комбинированные базы данных.
- Базы данных по конкретным организмам.
- Базы данных по типам молекул.
- Проблемы баз данных
- База нуклеотидных последовательностей EMBL.
- База данных по белкам SwissProt.
- База структурной информации о белках PDB – Protein Data Bank.
- Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам.
- Базы данных по метаболизму и её приложениям.
- Токсикологические базы данных
- Встроенные инструменты для работы с базами данных в Интернете.
- Интернет-инструменты для работы с информацией из биологических
- BLAST
- Выравнивание, локальное, глобальное.
- Множественное выравнивание.
- Филогенетический анализ и визуализации

2. Второй и третий вопрос: решение конкретных задач с помощью методов по:

- Выравнивание
- Филогенетический анализ

**Контрольная работа № 1**  
**По дисциплине «Введение в биоинформатику»**

1. Бионформатика: определение, основные понятия, цели и задачи.
2. Взаимосвязи бионформатики с другими дисциплинами биологии
3. Основы молекулярной биологии
4. Методы секвенирования
5. Биополимеры – белки, нуклеиновые кислоты.
6. Последовательности аминокислот и нуклеотидов как основная информационная составляющая биоинформатики.
7. Форматы файлов, используемых в биоинформатике.
8. Запись аминокислотных последовательностей.
9. Запись нуклеотидных последовательностей.

**Контрольная работа № 2**  
**По дисциплине «Введение в биоинформатику»**

1. База данных NCBI - GenBank.
  2. Источники биологической информации и базы данных
  3. Классификация и типы баз данных.
  4. Всеобъемлющие, универсальные и комбинированные базы данных.
  5. Базы данных по конкретным организмам.
  6. Базы данных по типам молекул.
  7. Проблемы баз данных
  8. База нуклеотидных последовательностей EMBL.
  9. База данных по белкам SwissProt.
  10. База структурной информации о белках PDB – Protein Data Bank.
  11. Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам.
  12. Базы данных по метаболомике и её приложениям.
- Токсикологические базы данных

**Контрольная работа № 3**  
**По дисциплине «Введение в биоинформатику»**

1. Встроенные инструменты для работы с базами данных в Интернете.
2. Интернет-инструменты для работы с информацией из биологических
3. BLAST
4. Выравнивание, локальное, глобальное.
5. Множественное выравнивание.
6. Филогенетический анализ и визуализации

# Лабораторные (семинарские) работы

По дисциплине «Введение в биоинформатику»

1. Ознакомление с популярными БД – GeneBank, EMBL, Swiss-Prot, UniProt и другие
2. Поисковая система BLAST, MUSCLE, CLUSTAL и другие
3. Имеется сиквенс некоторого гена. Дана его нуклеотидная последовательность.  
Определить, что это за ген и подобрать праймеры, чтобы можно было определить присутствие этого гена в трансформированном организме.
4. Какова нормальная функция белка, кодируемого этим геном? Имеется ли гомолог этого гена в геноме какого-то организма? Если да, какова функция этого гена? Какая хромосома содержит участок, гомологичный региону?
5. Алгоритмы сборки геномных последовательностей из фрагментов
6. Построение выравнивания двух коротких искусственных последовательностей
7. Построение выравнивания двух реальных последовательностей
8. Редактирование выравнивания
9. Выравнивание последовательностей со схожей функцией (возможных гомологов)
10. Выравнивание последовательностей, содержащих участки гомологии
11. Найти последовательность по фрагменту
12. С помощью программы BLAST проведите поиск по банку данных конкретный ген/протеин
13. Сравнить множественное выравнивание, построенное программой Clustal
14. Составить паттерн по множественному выравниванию
15. Найдите в БД документ, содержащий информацию о белке
16. Филогенетические анализы PhyML

**Разработчик:** Ассистент ИБХТН, к.б.н. П. Кезимана

ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов»

Институт биохимической технологии и нанотехнологии (ИБХТН)

# **САМОСТОЯТЕЛЬНАЯ УЧЕБНАЯ РАБОТА СТУДЕНТА**

ПО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЕ

Введение в биоинформатику  
(наименование дисциплины)

04.04.01 – «Химия»  
(код и наименование направления подготовки)

«Биохимические технологии и нанотехнологии»  
(наименование профиля подготовки)

## **ТЕМЫ РЕФЕРАТОВ**

1. Структура и функции генов и белков.
2. Открытия и достижения в молекулярной биологии, генетике связаны с возникновением биоинформатика?
3. Характеристики генома организм.
4. Основные задачи биоинформатики
5. Методы распознавания функциональных участков в нуклеотидных последовательностях
6. Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров
7. Проблемы филогении геномных последовательностей.
8. Предсказание функций генов.
9. Сравнение геномов
10. Фармакогеномика и фармакогенетика
11. Генетические основы индивидуальной чувствительности к лекарствам.
12. Генетические различия рецепторов лекарств.
13. Клиническое значение фармакодинамических полиморфизмов генов

### **Разработчик:**

Ассистент ИБХТН, к.б.н. П. Кезимана

Программа составлена в соответствии с требованиями ОС ВО РУДН.

**Руководитель программы/  
Директор ИБХТН**



**Я.М. Станишевский**