

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Жарков Олег Александрович
Должность: Ректор
Дата подписания: 26.05.2023 12:33:14
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:

33.04.01 Промышленная фармация

(код и наименование направления подготовки/специальности)

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

«Биофармацевтические технологии и управление фармпроизводством»

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

2023 г.

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Целью освоения дисциплины «Введение в биоинформатику» является изучение методов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных проблем молекулярной биомедицины, фармакологии, и задач, возникающих на стыке этих наук - таких, как молекулярная биология и молекулярная генетика.

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)
ОПК-3.	Способен проводить и организовывать научные исследования в области обращения лекарственных средств	ОПК-3.2. Проводит научно-исследовательские работы исследования в области обращения лекарственных средств, включая исследование наноразмерных систем и структур медицинского назначения; систем адресной доставки лекарств. ОПК-3.3. Проводит биологические, химические, аналитические исследования в области обращения лекарственных средств.
ПК-5.	Способен применять методы статистического управления качеством, статистические методы, применяемые при оценке результатов испытаний технологических процессов и валидации	ПК-5.1. Знает статистические методы обработки данных, статистические методы управления качеством, методы экономического анализа ПК-5.2. Использует современные способы поиска и анализа информации биологических данных и химии лекарственных средств.

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Введение в биоинформатику» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений, блока 1 учебного плана и является дисциплиной по выбору.

В рамках ОП ВО обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Основы экономики для фармацевтического предприятия».

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 проводить и организовывать научные исследования в области обращения лекарственных средств	Технология производства лекарственных средств Промышленная токсикология Промышленная микробиология Нанотехнологии в медицине и фармации Физико-химические методы анализа	
ПК-5.	Способен применять методы статистического управления качеством, статистические методы, применяемые при оценке результатов испытаний технологических процессов и валидации	Основы экономики для фармацевтического предприятия Статистические методы управления качеством	

* - 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.	30			30	
в том числе:					
Лекции (ЛК)	10			10	
Лабораторные работы (ЛР)	10			10	
Практические/семинарские занятия (СЗ)	10			10	
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	51			51	
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	27			27	
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	108		108	
	зач.ед.	3		3	

Таблица 4.3. Виды учебной работы по периодам освоения ОП ВО для **ЗАОЧНОЙ** формы обучения*

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.	Семестр(-ы)			
		1	2	3	4
Контактная работа, ак.ч.	20			20	
в том числе:					
Лекции (ЛК)	12			12	
Лабораторные работы (ЛР)					
Практические/семинарские занятия (СЗ)	8			8	
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	84			84	
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	4			4	
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	108		108	
	зач.ед.	3		3	

* - заполняется в случае реализации программы в заочной форме

5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

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

Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (темы)	Вид учебной работы*
Раздел 1. Основы биоинформатики	Тема 1.1. Бионформатика как научная дисциплина и как технологическая платформа: определение, основные понятия, цели и задачи. Взаимосвязи бионформатики с другими дисциплинами биологии. Новейшие достижения в области молекулярной биологии и генетики, вызвавшие необходимость развития биоинформатики. Набор информации, характеризующий биополимеры (белки, нуклеиновые кислоты). Последовательности аминокислот и нуклеотидов как основная информационная составляющая биоинформатики. Форматы файлов, используемых в биоинформатике. Запись аминокислотных последовательностей. Запись нуклеотидных последовательностей.	ЛК, ПР
Раздел 2. Биоинформационные базы данных.	Тема 2.1. База данных GenBank. Репозиторные и аналитические функции GenBank. Форматы описания первичной структуры белков (аминокислотной последовательности). Другие форматы записи нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, информация о них на ресурсах EMBL-EMBL и emboss. Источники биологической информации и базы данных в Интернете. Классификация и типы баз данных. Всеобъемлющие, универсальные и комбинированные базы данных. Базы данных по конкретным организмам. Базы данных по	ЛК, ПР, ЛР

Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (темы)	Вид учебной работы*
	<p>типам молекул. Дополнительные базы данных. Высокоспециализированные базы данных. GenBank – NCBI. База нуклеотидных последовательностей EMBL. База данных по белкам SwissProt. База структурной информации о белках PDB – Protein Data Bank. Встроенные инструменты для работы с базами данных в Интернете. Агрегаторы информации из баз данных и ссылок на ресурсы. Семейство баз данных KEGG. Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам. Базы данных по метаболизму и её приложениям. Токсикологические базы данных.</p>	
<p>Раздел 3. Инструменты/методы для работы с информацией из биологических баз данных</p>	<p>Тема 3.1. Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров. Алгоритмы сравнения. Выравнивание, локальное, глобальное. Множественное выравнивание. Филогенетический анализ Проблемы филогении геномных последовательностей. Онтологии генов. Информационное содержание генетических последовательностей. Распознавание участков скрытых периодичностей, повторов, участков статистической неоднородности. Распознавание предковых генов в первичных структурах молекул биополимеров и исследование их функциональности и эволюции. Программные средства и Интернет-сервисы для биоинформационного анализа. Инструменты для анализа нуклеотидных и белковых последовательностей. Оценка качества сравнительного анализа последовательностей и пространственных структур. Инструменты визуализации.</p>	<p>ЛК, ПР, ЛР</p>

* - 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	Аудитория № 636 для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	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
Семинарская, Лабораторные работы	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.
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) Tore Samuelsson Genomics and Bioinformatics An Introduction to Programming Tools for Life Scientists From Bioinformatics Basics to Working Code - Эл. книга на платформе издательства Муilibrary.

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

Дополнительная литература:

- 1) Интернет-ресурсы:
- 2) ben – BioSciEdNet – National Science Digital Library (NSDL) portal for teaching and learning in the biological sciences - <http://www.bioscienednet.org/portal/>
- 3) BLAST - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>
- 4) ClustalW - <http://www.genome.jp/tools/clustalw/>
- 5) Entrez - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez>
- 6) Expasy - <http://www.expasy.org/>
- 7) Muscle - множественное сравнение нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. - <http://www.drive5.com/muscle/>
- 8) PHYLIP - пакет филогенетических программ - <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>

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

- 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/>

- NCBI

- Swisspot

- EMBL

- PDB

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 решения ситуационных задач, совместной разработки 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.

МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО НАПИСАНИЮ РЕФЕРАТОВ

Реферат по дисциплине «Введение в биоинформатику» является результатом индивидуальной работы студентов и отражает способности исполнителей к самостоятельной работе с литературой и навыки анализа конкретной проблемы.

1. При выполнении реферата должно быть использовано не менее 20 источников литературы.
2. Реферат должен быть хорошо отформатирован в следующем формате: шрифт 14, Times New Roman.
3. Реферат должен содержать сведения из оригинальных источников, а не составлен из ссылок и рефератов, позаимствованных из Интернета.
4. Объем реферата должен быть не менее 15 страниц и не более 25.
5. Все части реферата, составленные по литературным источникам, должны быть логически связаны и объединены единой темой.
6. Реферат должен быть хорошо структурирован, разбит на тематические разделы.
7. Презентация для защиты реферата должны быть выполнены в программе Power Point и содержать не менее 15 слайдов.

Темы рефератов:

1. Базы данных по конкретным организмам.
2. Базы данных по типам молекул.
3. Высокоспециализированные базы данных.
4. Проблемы баз данных: избыточность, наличие ошибок, проблемы, связанные с открытостью.
5. База нуклеотидных последовательностей EMBL.
6. База данных по белкам SwissProt.
7. База структурной информации о белках PDB – Protein Data Bank.
8. Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам. Токсикологические базы данных.

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. Парфэ Кезимана

РУКОВОДИТЕЛЬ ОУП:

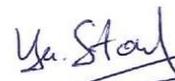
Директор ИБХТН, профессор д.х.н.



Я.М. Станишевский

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Директор ИБХТН, профессор д.х.н.



Я.М. Станишевский

Приложение

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

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ ПО УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЕ

Введение в биоинформатику
(наименование дисциплины)

33.04.01 Промышленная фармация
(код и наименование направления подготовки)

«Биофармацевтические технологии и управление фармпроизводством»
(наименование профиля подготовки)

Магистр
Квалификация (степень) выпускника

Паспорт фонда оценочных средств по дисциплине «Введение в Биоинформатику»

Направление 33.04.01 «Промышленная фармация»

Профиль «Биофармацевтические технологии и управление фармпроизводством»

Код контролируемой компетенции	Контролируемый раздел дисциплины	Контролируемая тема дисциплины	ФОСы (формы контроля уровня освоения ООП)					Зачет/ Итоговая работа		
			Аудиторная работа				Самостоятельная работа Реферат (для заочной формы обучения)			
			КР 1	КР 2	КР 3	ЛР (очная форма)				
ОПК-3. Способен проводить и организовывать научные исследования в области обращения лекарственных средств; ПК-5. Способен применять методы статистического управления качеством, статистические методы, применяемые при оценке результатов испытаний технологических процессов и валидации	Основы биоинформатики	Биоинформатика, как научная дисциплина. Связь с молекулярной биологией и другими дисциплинами.	10				45	25		
		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					15	
		База данных GenBank – NCBI. Репозиторные и аналитические функции GenBank.								15
		Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам. Базы данных по метаболомике 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			15	
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			

КР – контрольная работа; ЛР – лабораторные работы; ДЗ – домашняя работа; СУРС – самостоятельная учебная работа студента.

Вопросы для подготовки к зачету
По дисциплине «Введение в биоинформатику»
Код контролируемой компетенции ОПК-3, ПК-5

1. Биоинформатика: определение, основные понятия, цели и задачи.
2. Взаимосвязи биоинформатики 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.
10. База данных NCBI - GenBank.
11. Источники биологической информации и базы данных
12. Классификация и типы баз данных.
13. Всеобъемлющие, универсальные и комбинированные базы данных.
14. Базы данных по конкретным организмам.
15. Базы данных по типам молекул.
16. Проблемы баз данных
17. База нуклеотидных последовательностей EMBL.
18. База данных по белкам SwissProt.
19. База структурной информации о белках PDB – Protein Data Bank.
20. Базы данных по малым молекулам и лекарственным препаратам.
21. Базы данных по метаболомике и её приложениям.
22. Токсикологические базы данных
23. Встроенные инструменты для работы с базами данных в Интернете.
24. Интернет-инструменты для работы с информацией из биологических
25. BLAST
26. Выравнивание, локальное, глобальное.
27. Множественное выравнивание.
28. Филогенетический анализ и визуализации
29. Выравнивание
30. Филогенетический анализ

ПРИМЕР ВАРИАНТА ЗАЧЁТА
дисциплины **«Введение в биоинформатику»**

Время: 1 час

Группа _____ Ф.И.О. студента _____

Вариант № 1

1. Дана последовательность неизвестного происхождения: (7 баллов)

MSETAPAPAAEAAPAAAPAPAKAAAKPKKAAGGAKARKPAGPSVTELITKAVSAS
KERKGLSLAALKKALAAGGYDVEKNNSRIKLGKSLVSKGTLVQTKGTGASGSFRL
SKKPGEVKEKAPKKKASAAKPKKPAAKKRAAAAKPKKAVAVKKSPKKAKKPAA
SATKKSASPKKVTKAVKPKKAVA AAKSPA KAKAVKPKAAKPKAAKPKAAKAKKA
AAKKK

С помощью BLAST, найдите, что это за последовательности, и в NCBI, ответьте на следующие вопросы:

- Какому организму принадлежат эти последовательности? Таксономия?
- Какова функция гена и в каких процессах участвует?
- Какие последовательности довольно близки к исследуемому участку ДНК? (ортологи – 3 первых) Каким организмам они принадлежат и какова их функция?
- Локализация гена? Сколько экзонов? Есть окружающие гены? Какие?

2. Выполните множественное выравнивание (8 баллов)

>sp|P26568|H11_ARATH Histone H1.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g06760 PE=2 SV=1

MSEVEIENAATIEGNTAADAPVTDAAVEKKPAAKGRKTKNVKEVKEKKTVAAPK
KRTVS
SHPTYEEMIKDAIVTLKERTGSSQYAIQKFIEEKRKELPPTFRKLLLLNLKRLVASGK
LV
KVKASFKLPSASAKASSPKAAAEKSAPAKKKPATVAVTAKARKVA AASKAKKTIA
VKPKT
AAAKVTA KAKAKPVPRATAAATKRKA VDAKPKAKARPAKAAKTAKVTSPA KK
AVAATKK
VATVATKKKTPVKKVVKPKTVKSPA KRASSRVKK

>sp|Q08864|H11_VOLCA Histone H1-I OS=Volvox carteri GN=H1-I PE=2 SV=3

MSETEAAPVVAPAAEAAPAAEAPKAKAPKAKAPKQPKAPKAPKEPKAPKEKKPKA
ARTHP
PYIEMVKDAITTLKERNGSSLPALKKFIENKYGKDIHDKNFAKTL SQVVKTFVKGGK
LVK
VKGSFKLSEALKAKAKKSTPKKAKADGEAKPKKSEAKPKKAEAVKKT KAPKEKVE
RPKKE
KKEKVEKKKATPKAEKPKKAATPKSAGKKKATPKPKAAPKSPA KKDAKPKKATPS
KKAAP
KKAPAKKSTPKAKEAKSKGKK

>sp|P15871|H11_WHEAT Histone H1.1 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1

MVSEAIAALKEREGSSEFAIGKKKE

>sp|P26569|H12_ARATH Histone H1.2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g30620 PE=1 SV=1

MSIEEENVPTTVDSGAADTTVKSPEKKPAAKGGKSKTTTAKATKKPVKAAAPTK
KKTTS

SHPTYEEMIKDAIVTLKERTGSSQYAIQKFIEEKHKSLPPTFRKLLLVNLKRLVASEK
LV
KVKASFKIPSARSAATPKPAAPVKKKATVVAKPKGKVAAAVAPAKAKAAAKGTK
KPAAKV
VAKAKVTAKPKAKVTAAPKPSKSVAAVSKTKAVAAKPKAKERPAKASRTSTRTSP
GKKVA
APAKKVAVTKKAPAKSVKVKSPAKRASTRKAKK
>sp|Q08865|H12_VOLCA Histone H1-II OS=Volvox carteri GN=H1-II PE=2 SV=3
MASDAPEVKAPKAKTQKKPKTAPTHPPYIQMVTDAILSLKERDGSLLPALKKFIEAK
YGK
DIHDKKFPKTL LALKTFVKNGKLVKVKNSYKLSDAQKSKAKAAAKPKAAPKAA
APKKA
AAPKKAKAPKKEGEKKA VKPKSEKKA AKPKTEKKPKAAKPKAAKPKAAKPKAA
KKPAAK
KATPKKAAAPKKAAPKKA KAATPKKAKAATPKKAKAAAKPKAAAKPKAAAKP
KAKAAKK
A
>sp|P15872|H13_WHEAT Histone H1.3 (Fragments) OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1
MVSEAITALKERTGSMLTQIKKLVAAAGKLT
>sp|Q9M5W4|H1_EUPES Histone H1 OS=Euphorbia esula PE=2 SV=1
MADTPVSAPVVPEVTERKSKRGT KAAAVKVPKEKKKVIAAKPKSKGTSSHPSFFE
MISD
AISTLKERTGSSQYAINKFVEDKHKQLPSNFRKLLLFHLKLVASGKLVKVKNSFKL
PSA
RAAPAPALAKKPTIPKPKVAAKPKTAKIGAKPKAKAKVAAKTATTKTVAKKIPAA
KPKA
KTAGKPKTVAAKPAKVAKTAAVASPGKKKAVPVKKVKT VKSPAGKRTRK
>sp|P23444|H1_MAIZE Histone H1 OS=Zea mays PE=2 SV=2
MATDVTETPAPLVDAAPEAPADAPAAPAADANA AKKATAPKKRASPTHLPYAE
MVSEA
ITSLKERTGSSSYAIK FVEDKHKAKLPPNFRKLLNVQLKLVAGGKLT KVKN SYK
LSSA
TKPNPKPAAPKPKTGAKKPKAAAKPKAKTPAKAKPATKPKPAAKPKAVVKPKT
PAKPK
AKPAAKAKPKTAGAKPKPLAKKAGRAKAAKTS AKDTPGKKAPAKKAAPSKKAAT
PVRKAP
SRKAKK
>sp|P08283|H1_PEA Histone H1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1
MATEEPIVAVETVPEPIVTEPTTITEPEVPEKEEPKAEVEKTKKAKGSKPKKASKPRN
PA
SHPTYEEMIKDAIVSLKEKNGSSQYAIK FIEEKQKQLPANFKKLLQLNLKKNV ASG
KLI
KVKGSFKLSAAAKPVA VAKPKAKTAAKAKSVKAKPAAKPKAKAVVKPKVASKAK
AVAAKP
KKA AAKPKTVAAKT KPTAAKPKAVVKPKSKVKPAKVAKTSVKTT PGKKVAAVKK
VAAKKV
PVKSVKAKSVKSPVKKVSVKRGGRK
>sp|P37218|H1_SOLLC Histone H1 OS=Solanum lycopersicum PE=3 SV=1
MATEEPVIVNEVVEEQAAPETVKDEANPPAKSGKAKKETKAKKPAAPRKR SATPTH
PPYF
EMIKDAIVTLKERTGSSQHAIK FIEEKQKSLPSNFKKLLLTQLK KFFVASEKLVKVKNSY

KLPSGSKPAAAAVPAKKKPAAAKSKPAAKPKAAVKPKAKPAAKAKPAAKAKPAA
 KAKPAA
 KAKPAAKAKPAAKAKPVAKAKPKAAAAAKPKAAVKPKAAPAKTKAAVKPNLKA
 KTTTAKV
 AKTATRTPSRKAAPKATPAKKEPVKKAPAKNVKSPAKKATPKRGRK
 >sp|P40267|H1_SOLPN Histone H1 OS=Solanum pennellii PE=2 SV=1
 MTAIGEVENPTVVQRPTASKVKEQAPATDKKPRAPKEKKPKSAKAVTHPPYFQMI
 KEAL
 LALNEKGGSSPYAVAKYMEDKHKDEL PANFRKILGLQLKNSAAKGKLIKIKASYKL
 SEAG
 KKETTTKTSTKKLPKADSKKKPRSTRATATAAKKTEVPKKAKATPKPKKVGAKRT
 RKSTP
 AKAKQPKSIKSPAACKRAKKIAV
 >sp|P27806|H1_WHEAT Histone H1 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=2
 MSTDVAAADIPVPQVEVAADA AVDTPAAKPAKAPKAAKAKKSTPGPKKPRVTPAH
 PSYAE
 MVSEAIAALKERSGSSTIAIGKFIEDKHKHAHLPANFRKILLTQIKKLVAAGKLT KVKG
 SY
 KLA KAPAAVKPKTATKKKPAAKPKAKAPAKKTA AKSPA KKA AAKPKAKAPAKAK
 AVAKPK
 AAKPKAAAKPKAKAAAKKAPAAATPKKPAARKPPTKRATPVKKAAPAKKPAAK
 KAKK
 >tr|A0A0E0D894|A0A0E0D894_9ORYZ Uncharacterized protein OS=Oryza meridionalis
 PE=3 SV=1
 MATDVAATEPEVAAEEAAAAAPETTATAGDSKPAKEAKAKKAAAPRKARSTATHP
 PYAEM
 ISEAIATLKERTGSSQYAIGKFLEDKHKDHLPSNFRKQLLVQIKKLVAAGKLT KVKN
 SYK
 LPPTRAPAAAKPKAAKPAAAAKPKPKPKAAAKPKAAPKAKAKAPAKSKAAAKPK
 AAKPA
 AKPKAAAKPKSPAKPAAKPKAAPKAKAKPAAKPKAKAAPKPKAAA VTKTKATSA
 PARRPA
 KAAKTS AKDTPSKKAAPAAKKPAAAAKKAPAKKAAPAKKAVAPARKVPARKAKN
 CEGAGV
 LACKFDIAAGVHWSFRTQVVVRDDDDDETLLRQALSLSLSTPASLTRAPKLRIAA
 VVSA
 LMATDVAATEPEVAAEEAAAAAPETTATAGDSKPAKEAKAKKAAAPRKARSTAT
 HPPYAE
 MISEAIATLKERTGSSQYAIGKFLEDKHKDHLPSNFRKQLLVQIKKLVAAGKLT KVK
 NSY
 KLPPTRAPAAAKPKAAKPAAAAKPKPKPKAAAKPKAAPKAKAKAPAKSKAAAKP
 KAAAKP
 AAKPKAAAKPKSPAKPAAKPKAAPKAKAKPAAKPKAKAAPKPKAAA VTKTKATS
 APARRP
 AKA AKTSAKDTPSKKAAPAAKKPAAAAKKAPAKKAAPAKKAVAPARKVPARKAK
 K

3. Используя предыдущие последовательности, выполните филогенетический анализ
(10 баллов)

ИТОГО баллов: 25 балла

Баллы	Критерий оценки
0	Обучающийся не ответил на вопрос или ответ полностью неверен.
половина заданного количества баллов	Обучающийся дал верный, достаточно полный ответ, раскрывающий основные положения вопроса.
заданное количество баллов за вопрос	Обучающийся дал верный, развернутый, четкий и хорошо структурированный ответ, полностью раскрывающий вопрос.

Шкала оценивания:

«Отлично» («5») – от 22,5 до 25 баллов.

«Хорошо» («4») – от 17,5 до 22,4 баллов.

«Удовлетворительно» («3») – от 12,5 до 17,4 баллов.

«Неудовлетворительно» («2») – 12,4 и менее баллов.

ВОПРОСЫ К КОНТРОЛЬНОЙ РАБОТЕ № 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.

ПРИМЕР ВАРИАНТА КОНТРОЛЬНОЙ РАБОТЫ № 1
дисциплины **«Введение в биоинформатику»**

Время: 30 мин

Группа _____ Ф.И.О. студента

Вариант № 1

1. Каковы являются задачи и объекты исследования биоинформатики. (3 балла)
2. Опишите типы биологических баз данных. (2 балла)
3. Опишите метод секвенирования по Сэнгеру. (5 баллов)

ИТОГО баллов: 10 баллов

Баллы	Критерий оценки
0	Обучающийся не ответил на вопрос или ответ полностью неверен.
половина заданного количества баллов	Обучающийся дал верный, достаточно полный ответ, раскрывающий основные положения вопроса.
заданное количество баллов за вопрос	Обучающийся дал верный, развернутый, четкий и хорошо структурированный ответ, полностью раскрывающий вопрос.

Шкала оценивания:

«Отлично» («5») – от 9 до 10 баллов.

«Хорошо» («4») – от 7 до 8,9 баллов.

«Удовлетворительно» («3») – от 5 до 6,9 баллов.

«Неудовлетворительно» («2») – 4,9 и менее баллов.

ВОПРОСЫ К КОНТРОЛЬНОЙ РАБОТЕ № 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 ее приложениям.
13. Токсикологические базы данных

ПРИМЕР ВАРИАНТА КОНТРОЛЬНОЙ РАБОТЫ № 2
дисциплины «Введение в биоинформатику»**Время: 30 мин**

Группа _____ Ф.И.О. студента _____

Вариант № 1

1. Работа в NCBI - Найдите последовательности **3039** в NCBI, и определите - какому организму они принадлежат; их функция и на какой хромосоме расположены. **(5 баллов)**
2. По базе нуклеотидных последовательностей EMBL, найдите ортологи этого гена. **(5 баллов)**

ИТОГО баллов: 10 балла

Баллы	Критерий оценки
0	Обучающийся не ответил на вопрос или ответ полностью неверен.
2,5	Обучающийся дал верный, достаточно полный ответ, раскрывающий основные положения вопроса.
5	Обучающийся дал верный, развернутый, четкий и хорошо структурированный ответ, полностью раскрывающий вопрос.

Шкала оценивания:

«Отлично» («5») – от 9 до 10 баллов.

«Хорошо» («4») – от 7 до 8,9 баллов.

«Удовлетворительно» («3») – от 5 до 6,9 баллов.

«Неудовлетворительно» («2») – 4,9 и менее баллов.

ВОПРОСЫ К КОНТРОЛЬНОЙ РАБОТЕ № 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

ПРИМЕР ВАРИАНТА КОНТРОЛЬНОЙ РАБОТЫ № 3
дисциплины **«Введение в биоинформатику»**

Время: 30 мин

Группа _____ Ф.И.О. студента _____

Вариант № 1

1. С помощью BLAST – найдите 10 похожие белки с последовательностей **3039**. В Базе данных UniProt выполните множественное выравнивание этих последовательностей с программой ClustalOmega. **(5 баллов)**
2. Используя последовательности тропомиозинов из разных организмов, выполняй филогенетический анализ в пакете Phylogeny.fr **(5 баллов)**

ИТОГО: 10 баллов

Критерии оценки:

Максимальное количество баллов за вопрос – 5. Общее количество баллов – 10.

Баллы	Критерий оценки
0	Обучающийся не ответил на вопрос или ответ полностью неверен.
2,5	Обучающийся дал верный, достаточно полный ответ, раскрывающий основные положения вопроса.
5	Обучающийся дал верный, развернутый, четкий и хорошо структурированный ответ, полностью раскрывающий вопрос.

Шкала оценивания:

«Отлично» («5») – от 9 до 10 баллов.

«Хорошо» («4») – от 7 до 8,9 баллов.

«Удовлетворительно» («3») – от 5 до 6,9 баллов.

«Неудовлетворительно» («2») – 4,9 и менее баллов.

ЛАБОРАТОРНЫЕ РАБОТЫ

По дисциплине «Введение в биоинформатику»

Лаб. работа 1. Поиск и сравнение последовательностей	(5 баллов)
Лаб. работа 2. Пространственные структуры биомолекул	(5 баллов)
Лаб. работа 3. Анализ белковых последовательностей	(5 баллов)
Лаб. работа 4. Анализ нуклеотидных последовательностей и структур	(5 баллов)
Лаб. работа 5. Анализ белковых структур. Молекулярный дизайн	(5 баллов)

ИТОГО баллов: 25

КРИТЕРИИ ОЦЕНКИ

Лабораторная работа оценивается от 0 до 5 баллов:

Критерии оценки	Баллы		
	не соответствует критерию	частично соответствует критерию	полностью соответствует критерию
Студент оформил лабораторную работу без замечаний.	0	0,5	1
Студент знает название и цель работы; знает законы, которые лежат в основе явлений, рассматриваемых в работе (защитил работу).	0	0,5	2
Работа выполнена в полном объеме и получены правильные ответы на дополнительные вопросы преподавателя при защите работы.	0	1	2
Итого:		2	5

Шкала оценивания:

«Отлично» («5») – от 4,5 до 5 баллов.

«Хорошо» («4») – от 3,5 до 4,4 баллов.

«Удовлетворительно» («3») – от 2,5 до 3,4 баллов.

«Неудовлетворительно» («2») – 2,4 и менее баллов.

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

КРИТЕРИИ ОЦЕНКИ

Реферат оценивается от 0 до 20 баллов:

Критерии оценки	Баллы		
	не соответствует критерию	частично соответствует критерию	полностью соответствует критерию
Работа включает все указанные в задании элементы	0	1	2
Работа оформлена в соответствии с требованиями	0	1	2
Студентом корректно оформлены заимствования	0	1	2
В реферате указана актуальная информация	0	1	2
Студентом представлены объективные проверенные научные источники информации	0	1	2
Реферат отражает идеи, высказанные в источниках	0	1	2
Студент сопоставляет данные нескольких источников, выявляет связи между ними, проводит сравнение, обобщение, классификацию	0	1	2
Студент представляет информацию кратко и информативно	0	1	2
Студент использует собственные формулировки для представления информации	0	1	2
Формулировки студента не искажают смыслы, изложенные в источниках	0	1	2
Итого:	0	10	20

Шкала оценивания:

«Отлично» («5») – от 18 до 20 баллов.

«Хорошо» («4») – от 14 до 17,9 баллов.

«Удовлетворительно» («3») – от 10 до 13,9 баллов.

«Неудовлетворительно» («2») – 9,9 и менее баллов.

1. Студенты обязаны сдавать все задания в сроки, установленные преподавателем.
2. Студент должен набрать не менее 12 баллов за семестр.
3. Отсрочка в сдаче докладов, Реферат или зачёта считается уважительной только в случае болезни студента, что подтверждается наличием у него медицинской справки.
4. Если в итоге студент получил за семестр менее 31 балла, то ему выставляется оценка F и студент должен повторить эту дисциплину в установленном порядке.

Программа составлена в соответствии с требованиями ОС ВО РУДН.