

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Ястребов Олег Александрович

Должность: Ректор

Дата подписания: 21.05.2026 15:47:23

Уникальный программный ключ:

ca953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

**Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования**

**«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»**

**Аграрно-технологический институт**

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

## **РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**

### **ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ**

(наименование дисциплины/модуля)

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

### **35.04.04 АГРОНОМИЯ**

(код и наименование направления подготовки/специальности)

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

### **АГРОБИОТЕХНОЛОГИЯ**

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

## 1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Введение в биоинформатику» входит в программу магистратуры «Агробиотехнология» по направлению 35.04.04 «Агрономия» и изучается во 2 семестре 1 курса. Дисциплину реализует Агробиотехнологический департамент. Дисциплина состоит из 10 разделов и 17 тем и направлена на изучение повышения урожайности и качества сельскохозяйственных культур при помощи информационных технологий

Целью освоения дисциплины является изучение научных и практических основ биоинформационных подходов для генетических основ селекции растений, биотехнологии, повышения урожайности сельскохозяйственных культур и качества растениеводческой продукции с помощью информационных технологий.

## 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)
УК-7	Способен искать нужные источники информации и данные, воспринимать, анализировать, запоминать и передавать информацию с использованием цифровых средств, а также с помощью алгоритмов при работе с полученными из различных источников данными с целью эффективного использования полученной информации для решения задач, проводить оценку информации, ее достоверность, строить логические умозаключения на основании поступающих информации и данных	УК-7.1 Проводит оценку информации, ее достоверность, строит логические умозаключения на основании поступающих информации и данных;
ПК-1	Способен осуществлять сбор, обработку, анализ и систематизацию научно-технической информации, отечественного и зарубежного опыта в области агрономии	ПК-1.1 Осуществляет критический анализ полученной информации;
ПК-2	Способен разрабатывать методики проведения экспериментов, осваивать новые методы исследования	ПК-2.1 Владеет системным подходом в области биологических и агрономических исследований;

## 3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Введение в биоинформатику» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений блока 1 «Дисциплины (модули)» образовательной программы высшего образования.

В рамках образовательной программы высшего образования 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*
------	--------------------------	---	--

УК-7	Способен искать нужные источники информации и данные, воспринимать,	Информационные технологии; Информационные базы данных; Молекулярная биология и	Генетическое биоразнообразие растений, генбанки**;
------	---	--	--

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
	анализировать, запоминать и передавать информацию с использованием цифровых средств, а также с помощью алгоритмов при работе с полученными из различных источников данными с целью эффективного использования полученной информации для решения задач, проводить оценку информации, ее достоверность, строить логические умозаключения на основании поступающих информации и данных	геномика растений; Научно-исследовательская работа;	Генная инженерия (Редактирование геномов); Научно-исследовательская работа;
ПК-1	Способен осуществлять сбор, обработку, анализ и систематизацию научно-технической информации, отечественного и зарубежного опыта в области агрономии	Научно-исследовательская работа;	Иммунитет растений**; Генетическое биоразнообразие растений, генбанки**; Механизмы взаимодействия растений и фитопатогенов**; Молекулярная селекция; Оценка риска, биобезопасность и патентное право**; Научно-исследовательская работа; Преддипломная практика;
ПК-2	Способен разрабатывать методики проведения экспериментов, осваивать новые методы исследования	Научно-исследовательская работа;	Научно-исследовательская работа; Иммунитет растений**; Физиологические и молекулярные механизмы устойчивости к стрессовым условиям; Инструментальные методы исследований;

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

\*\* - элективные дисциплины /практики

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

Общая трудоемкость дисциплины «Введение в биоинформатику» составляет «4» зачетные единицы

Таблица 4.1. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для очной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)
			2
Контактная работа, ак.ч	24		24
Лекции (ЛК)	12		12
Лабораторные работы (ЛР)	12		12
Практические/семинарские занятия (СЗ)	0		0
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	114		114
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	6		6
Общая трудоемкость дисциплины ак.ч.	ак.ч.	144	144
	зач.ед.	4	4

Общая трудоемкость дисциплины «Введение в биоинформатику» составляет «4» зачетные единицы

Таблица 4.2. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для заочной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)
			3
Контактная работа, ак.ч	20		20
Лекции (ЛК)	0		0
Лабораторные работы (ЛР)	20		20
Практические/семинарские занятия (СЗ)	0		0
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	115		115
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	9		9
Общая трудоемкость дисциплины ак.ч.	ак.ч.	144	144
	зач.ед.	4	4

## 5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

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

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
Раздел 1	Предмет и задачи биоинформатики. Банки данных генетических текстов	1.1	Поиск информации по биомедицине в интернете. Базы и банки данных генетической информации.	PubMed и GenBank. Поиск в банках данных GenBank, EMBL	ЛК, ЛР
Раздел 2	Основные алгоритмы биоинформатики. Сравнение последовательностей генетических макромолекул	2.1	Выравнивание.	Парное и множественное выравнивание последовательностей. Задачи сравнения последовательностей генетических макромолекул. Алфавит ДНК, РНК и аминокислот. Трудоемкость	ЛК, ЛР
		2.2	Выравнивание.	Локальное и глобальное выравнивание пары символьных последовательностей.	ЛК, ЛР
		2.3	Парное и множественное выравнивание последовательностей.	Алгоритмы динамического программирования и программы выравнивания (FASTA)	ЛК, ЛР
Раздел 3	Анализ эволюции генов	3.1	Филогенетические деревья.	Анализ соотношения видов на основе сравнения последовательностей ДНК. Принципы построения и визуализация филогенетических деревьев.	ЛК, ЛР
Раздел 4	Задачи поиска геномных повторов	4.1	Анализ структуры генетических текстов.	Структура повторов в тексте. Тандемные и диспергированные повторы	ЛК, ЛР
		4.2	Повторы в обобщенном алфавите (для аминокислотных последовательностей) Обобщенные алфавиты.	15-буквенный алфавит ДНК IUPAC (International Union of Pure and Applied Chemistry)	ЛК, ЛР
Раздел 5	Структура гена	5.1	Кодирующие части и экзонинтронная структура гена.	Предсказание структуры гена. Оценки сложности генетического текста. Примеры работы программ предсказания, запись структуры гена в банках данных. Определения и оценки сложности текста по Колмогорову, по методу Лемпеля-Зива-Энтропия Шеннона	ЛК, ЛР
		5.2	Лингвистическая сложность текста.	Эмпирические оценки сложности, программная реализация Кластер генов, мобильные элементы ( <a href="https://genome.ucsc.edu">https://genome.ucsc.edu</a> ) Компьютерные программы поиска повторов в геноме - REPuter Complexity TRF (Tandem Repeat Finder)	ЛК, ЛР
Раздел 6	Вторичная структура РНК	6.1	Расчет вторичной структуры РНК.	Петли и шпильки вторичной структуры. Формат записи вторичной структуры. Визуализация. Вторичная структура РНК. Программы предсказания вторичной структуры РНК RNAfold MFold RNAstructure	ЛК, ЛР
Раздел 7	Структура и функция белка	7.1	Вторичная и третичная структура белка.	Альфа-спирали и бета-листы. Предсказание вторичной структуры по аминокислотной последовательности. Пространственная структура белка. Банк данных структур PDB. Карточка данных в формате PDB.	ЛК, ЛР
		7.2	Визуализация структуры, пространственное выравнивание структур белков.	Базы данных структурной и функциональной аннотации белков	ЛК, ЛР
Раздел 8	Генные и метаболические	8.1	Определение генной сети.	Теоретико-графическое представление. Примеры визуализации. GeneNet,	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
	сети			KEGG,STRING, Cytoscape Примеры динамических моделей генных сетей	
Раздел 9	Генные онтологии	9.1	Группы онтологий - клеточные компартменты, молекулярные функции, биологические процессы.	Международный консорциум и базы данных GO. Инструменты анализа генных онтологий AmiGO, DAVID, PANTHER.	ЛК, ЛР
Раздел 10	Технологии секвенирования и представление геномной информации.	10.1	Анализ профилей ChIP-seq и поиск сайтов связывания транскрипционных факторов.	Геномный браузер UCSC Genome Browser. Представление информации – геномных профилей на хромосоме	ЛК, ЛР
		10.2	Основы технологий высокопроизводительного секвенирования ДНК.	Прочтения ДНК и их хранение в базах данных. Архив GEO NCBI - Gene Expression Omnibus	ЛК, ЛР
		10.3	Задачи биоинформатики, требующие высокопроизводительных компьютерных вычислений	Расчет геномных профилей ChIP-seq. Задачи структурного сравнения белков. Задачи молекулярной динамики. Технологии секвенирования на основе микрочипов, SAGE/CAGE и RNA-seq	ЛК, ЛР

\* - заполняется только по ОЧНОЙ форме обучения: ЛК – лекции; ЛР – лабораторные работы; СЗ – практические/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 для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	
Лаборатория	Аудитория для проведения лабораторных работ, индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная комплектом специализированной мебели и оборудованием.	
Семинарская	Аудитория для проведения занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная комплектом специализированной мебели и техническими средствами мультимедиа презентаций.	
Для самостоятельной работы	Аудитория для самостоятельной работы обучающихся (может использоваться для проведения семинарских занятий и консультаций), оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютерами с доступом в ЭИОС.	

\* - аудитория для самостоятельной работы обучающихся указывается **ОБЯЗАТЕЛЬНО!**

## 7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

### Основная литература:

1. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии : учебное пособие / под редакцией К. Уилсон, Дж. Уолкер ; перевод с английского Т. П. Мосоловой, Е. Ю. Бозелек-Решетняк. — 3-е изд. — Москва : Лаборатория знаний, 2020. — 855 с. — ISBN 978-5-00101-786-8. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/151579> (дата обращения: 18.03.2025). — Режим доступа: для авториз. пользователей.

2. 2. Биоинформатика Володченкова, Л. А. Биоинформатика : учебное пособие : / Л. А. Володченкова ; Омский государственный университет им. Ф. М. Достоевского. – Омск : Омский государственный университет им. Ф.М. Достоевского (ОмГУ), 2018. – 44 с.

### Дополнительная литература:

1. Спирин, А. С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка : учебное пособие / А. С. Спирин. — 3-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2023. — 594 с. — ISBN 978-5-93208-649-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/319211> (дата обращения: 18.03.2025). — Режим доступа: для авториз. пользователей.

2. Проценко Владимир Данилович. Математическая биология, биоинформатика (программы подготовки аспирантов) : учебно-методическое пособие / В. Д. Проценко, Е. А. Лукьянова. - Электронные текстовые данные. - М. : РУДН, 2016. - 69 с. - 98.86. URL: [https://mega.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link\\_FindDoc&id=453429&idb=0](https://mega.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link_FindDoc&id=453429&idb=0)

### 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 <https://mega.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 «Знаниум» <https://znanium.ru/>

## 2. Базы данных и поисковые системы

- Sage <https://journals.sagepub.com/>
- Springer Nature Link <https://link.springer.com/>
- Wiley Journal Database <https://onlinelibrary.wiley.com/>
- Научометрическая база данных Lens.org <https://www.lens.org>

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

1. Курс лекций по дисциплине «Введение в биоинформатику».

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

**РАЗРАБОТЧИКИ**

Профессор агробиотехнологического  
департамента

---

Должность

**РУКОВОДИТЕЛЬ БУП**

Директор агробиотехнологического  
департамента

---

Должность

**РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО**

Доцент агробиотехнологического департамента

---

Должность

Орлов Ю.Л

---

Фамилия И.О

Пакина Е.Н.

---

Фамилия И.О

Корнацкий С.А

---

Фамилия И.О