

Документ подписан простой электронной подписью  
Информация о владельце:  
ФИО: Ястребов Олег Александрович  
Должность: Ректор  
Дата подписания: 06.05.2026 15:28:59  
Уникальный программный ключ:  
ca953a01204891083f939673078ef1a989dae18a

**Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования  
«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»  
Институт фармации и биотехнологии**  
(наименование основного учебного подразделения (ОУП)-разработчика ОП ВО)

## **РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**

### **ОСНОВЫ БИОИНФОРМАТИКИ**

(наименование дисциплины/модуля)

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

#### **28.04.01 НАНОТЕХНОЛОГИИ И МИКРОСИСТЕМНАЯ ТЕХНИКА**

(код и наименование направления подготовки/специальности)

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

#### **ИННОВАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ И НАНОТЕХНОЛОГИИ В МЕДИЦИНЕ, ФАРМАЦЕВТИКЕ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

**2026 г.**

## 1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Основы биоинформатики» входит в программу магистратуры «Инновационные технологии и нанотехнологии в медицине, фармацевтике и биотехнологии» по направлению 28.04.01 «Нанотехнологии и микросистемная техника» и изучается в 3 семестре 2 курса. Дисциплину реализует Кафедра фармации и биотехнологии. Дисциплина состоит из 6 разделов и 22 тем и направлена на изучение основ биоинформатики, современных методов анализа биологических последовательностей, структур белков, данных экспрессии генов и регуляторных элементов геномов.

Целью освоения дисциплины является вооружение студентов знаниями и навыками, необходимыми для использования инструментов и методов биоинформатики для анализа биологических данных, понимания молекулярных процессов и получения представления о геномной, протеомной и транскриптомной информации. К концу курса студенты должны уметь применять методологии биоинформатики для решения исследовательских вопросов, интерпретации биологических данных и принятия обоснованных решений в соответствующих областях знаний.

## 2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Основы биоинформатики» 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)
ПК-3	Способен систематизировать и реферировать данные литературы о биологических свойствах и токсичности наноматериалов, заносить эти сведения в базы данных и извлекать из них требуемую информацию; Оценивать степень потенциальной опасности наноматериалов на основе данных научной литературы	ПК-3.2 Владеет знаниями о биологических свойствах, токсичности, потенциальной опасности наноматериалов на основе данных научной литературы.; ПК-3.4 Владеет системными знаниями по медицинским и биологическим аспектам применения современных нанотехнологий.;

## 3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Основы биоинформатики» относится к блоку по выбору блока образовательной программы высшего образования.

В рамках образовательной программы высшего образования обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Основы биоинформатики».

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

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
------	--------------------------	---	--

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
ПК-3	<p>Способен систематизировать и реферировать данные литературы о биологических свойствах и токсичности наноматериалов, заносить эти сведения в базы данных и извлекать из них требуемую информацию;</p> <p>Оценивать степень потенциальной опасности наноматериалов на основе данных научной литературы</p>	<p>Нанотехнологии в медицине и фармацевтике;</p> <p>Свойства и применение наноматериалов;</p> <p>Промышленная микробиология;</p>	

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

\*\* - элективные дисциплины /практики

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

Общая трудоемкость дисциплины «Основы биоинформатики» составляет «3» 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)
			3
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	54		54
Лекции (ЛК)	18		18
Лабораторные работы (ЛР)	18		18
Практические/семинарские занятия (СЗ)	18		18
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	36		36
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	18		18
<b>Общая трудоемкость дисциплины</b>	<b>ак.ч.</b>	<b>108</b>	<b>108</b>
	<b>зач.ед.</b>	<b>3</b>	<b>3</b>

## 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	Базы данных NCBI и поиск биологических последовательностей	1.1	Обзор ресурсов NCBI. Структура GenBank-записи и форматы последовательностей	Портал NCBI как центральный ресурс биологической информации: структура и взаимосвязь баз данных (GenBank, RefSeq, PubMed, GEO, SRA, dbSNP и др.). Поиск информации через GQuery/Entrez Search: синтаксис запросов, фильтры. Структура GenBank-записи: заголовок, аннотации, ссылки, последовательность. Форматы представления последовательностей: FASTA, FASTQ, GenBank, EMBL. Понятия гомологии, ортологии и паралолии: определения и практическое значение.	ЛК, ЛР, СЗ
		1.2	Алгоритм BLAST: типы поиска и интерпретация результатов	Принцип работы алгоритма BLAST (Basic Local Alignment Search Tool): эвристический подход, матрицы замен, параметры E-value и bit score. Типы BLAST-поиска: blastn, blastp, blastx, tblastn, tblastx, PSI-BLAST, PHI-BLAST. Матрицы замен: PAM и BLOSUM — принципы построения и критерии выбора. Точечные матрицы (dot-plots) для попарного сравнения последовательностей: интерпретация паттернов.	ЛК, ЛР, СЗ
		1.3	Сравнительная геномика: геномные браузеры, синтения и ортологи	Геномные браузеры: UCSC Genome Browser, Ensembl, NCBI Genome — навигация и функции. Идентификация ортологических генов: базы данных OrthoDB, OrthoMCL, NCBI HomoloGene. Понятие синтении: консервативная организация хромосомных участков у разных видов. Инструменты анализа синтении: SynMap, MCSscan, i-ADHoRe. Применение сравнительной геномики для аннотации геномов и выявления функционально важных элементов.	ЛК, ЛР, СЗ
		1.4	Секвенирование следующего поколения (NGS): принципы и обработка данных	Технологии NGS: Illumina, Ion Torrent, PacBio, Oxford Nanopore — принципы работы и сравнение. Форматы данных: FASTQ, SAM/BAM, VCF. Контроль качества: FastQC, Trimmomatic. Картирование на референсный геном: BWA, Bowtie2, STAR. Сборка de novo: SPAdes, Velvet. Биоинформатические конвейеры для геномных исследований: Galaxy, Snakemake.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 2	Множественное выравнивание последовательностей и	2.1	Множественное выравнивание последовательностей	Задача множественного выравнивания: постановка и алгоритмы (прогрессивное, итеративное, структурно-направленное). Инструменты: ClustalW/ClustalOmega,	ЛК, ЛР, СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
	филогенетический анализ			MUSCLE, MAFFT, T-Coffee — сравнение стратегий и области применения. Анализ консервативных и переменных регионов в выравниваниях: энтропия Шеннона, логотипы последовательностей (WebLogo, Seq2Logo). Практическое применение: аннотация функциональных сайтов, разработка диагностических праймеров, сравнительный анализ белков.	
		2.2	Основы филогенетического анализа	Терминология и основные концепции: таксон, кладограмма, дендрограмма, корневое и некорневое дерево, политомия. Методы построения деревьев: дистанционные (UPGMA, Neighbour-Joining) и символьные (максимальная парсимония, максимальное правдоподобие, байесовский вывод). Модели эволюции последовательностей: JC69, K80, GTR, модели с гамма-распределением скоростей замен.	ЛК, ЛР, СЗ
		2.3	Построение и оценка филогенетических деревьев	Построение деревьев методами Neighbour-Joining и максимального правдоподобия: практическая работа в MEGA, IQ-TREE, RAxML. Оценка надёжности топологии: бутстреп-анализ, байесовские апостериорные вероятности. Интерпретация и визуализация деревьев: FigTree, iTOL (Interactive Tree of Life). Молекулярные часы: датировка узлов дивергенции. Применение в систематике, молекулярной эпидемиологии и эволюционной геномике.	ЛК, ЛР, СЗ
		2.4	Применение филогенетического анализа в молекулярной эпидемиологии и геномике	Молекулярные часы: датировка узлов дивергенции, байесовские подходы (BEAST). Реконструкция эволюционной истории патогенов: COVID-19, грипп, ВИЧ. Применение филогеномики: суперматричный и коалесцентный подходы при работе с полногеномными данными. Визуализация и аннотация деревьев: FigTree, iTOL (Interactive Tree of Life). Практическая работа: построение и интерпретация филогенетического дерева для набора вирусных или бактериальных изолятов.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 3	Анализ белковых мотивов и доменов	3.1	Консервативные участки белковых семейств и способы их описания	Понятие белкового мотива, домена и суперсемейства. Биологическое значение консервативных участков: активные центры, сайты связывания лигандов, структурные элементы. Способы формального описания консервативных участков: регулярные выражения (паттерны PROSITE), весовые матрицы (PSSM), профили (PSI-BLAST профили). Скрытые марковские модели (HMM): принцип, обучение, применение для поиска	ЛК, ЛР, СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				доменов.	
		3.2	Базы данных белковых доменов и функциональная аннотация	Обзор баз данных: Pfam, SMART, CDD, CDART, PROSITE, PRINTS, TIGRFAM, InterPro. Интегрированный поиск через InterProScan: принцип работы, интерпретация результатов. Функциональная аннотация белков по доменному составу. Эволюция доменных архитектур: модульность белков, рекомбинация доменов, горизонтальный перенос. Практическая работа: аннотация неизвестного белка с использованием InterProScan и CDART.	ЛК, ЛР, СЗ
		3.3	Предсказание функций и субклеточной локализации белков	Предсказание функций белков по последовательности: методы аннотации по гомологии, по профилям, de novo. Предсказание субклеточной локализации: SignalP, TargetP, TMHMM, WoLF PSORT. Предсказание сигнальных пептидов и трансмембранных доменов. Базы данных функциональной аннотации: UniProt/Swiss-Prot, Gene Ontology (GO). Практическая работа: полная функциональная аннотация белковой последовательности.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 4	Белок-белковые взаимодействия и анализ биологических сетей	4.1	Экспериментальные и вычислительные методы определения белок-белковых взаимодействий	Экспериментальные методы: двугибридная система (Y2H), аффинная очистка с масс-спектрометрией (AP-MS), FRET, BiFC, совместная иммунопреципитация. Достоинства, ограничения и источники артефактов каждого метода. Вычислительные методы предсказания взаимодействий: на основе структурных данных, филогенетических профилей, сохранения взаимодействий у разных видов. Базы данных белок-белковых взаимодействий: STRING, DIP, BioGRID, IntAct, MINT — структура и принципы работы.	ЛК, ЛР, СЗ
		4.2	Визуализация и анализ сетей взаимодействий	Представление биологических взаимодействий в виде графов: узлы (белки, гены, метаболиты), рёбра (взаимодействия), атрибуты. Топологические характеристики сетей: степень узла, кластеризационный коэффициент, диаметр, хабы. Визуализация и анализ сетей в Cytoscape: импорт данных, раскладки, фильтры, плагины (STRING, BiNGO). Выявление функциональных модулей: алгоритмы кластеризации (MCL, MCODE).	ЛК, ЛР, СЗ
		4.3	Обогащение по категориям Gene Ontology и функциональный анализ	Gene Ontology (GO): структура онтологии (молекулярная функция, биологический процесс, клеточный компонент), типы	ЛК, ЛР, СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				аннотаций, уровни доказательности. Анализ обогащения (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA): статистические основы, коррекция на множественные сравнения (FDR). Инструменты обогащения: DAVID, g:Profiler, clusterProfiler, Enrichr. KEGG Pathway и Reactome: картирование генов/белков на метаболические и сигнальные пути. Интерпретация результатов анализа обогащения в контексте биологического эксперимента.	
		4.4	Метаболические и сигнальные сети: моделирование и анализ	Реконструкция метаболических сетей: базы данных KEGG, BiGG, MetaCyc. Стехиометрическое моделирование: анализ потоков (FBA, flux balance analysis). Сигнальные сети: структура, типы взаимодействий (активация, ингибирование). Логические модели сигнальных сетей: булевы и вероятностные модели. Инструменты: COBRA Toolbox, CellDesigner, BioNetGen. Применение в системной биологии для поиска терапевтических мишеней.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 5	Структурная биоинформатика	5.1	Методы определения трёхмерных структур белков	Методы экспериментального определения структур: рентгеноструктурный анализ, ЯМР-спектроскопия, криоэлектронная микроскопия (крио-ЭМ) — принципы, возможности, ограничения. Уровни структурной организации белков: первичная, вторичная, третичная, четвертичная структуры. Элементы вторичной структуры: $\alpha$ -спираль, $\beta$ -складчатый лист, петли. Базы данных: Protein Data Bank (PDB) — структура записи, форматы (PDB, mmCIF), поиск и навигация.	ЛК, ЛР, СЗ
		5.2	Предсказание структуры белков: от гомологичного моделирования до AlphaFold	Методы предсказания вторичной структуры: PSIPRED, JPRED. Гомологичное моделирование: принцип, выбор шаблона, наращивание петель, минимизация энергии — инструменты MODELLER, SWISS-MODEL, I-TASSER. Предсказание ab initio и методы глубокого обучения: Rosetta, AlphaFold2 — революционные изменения в структурной биоинформатике. AlphaFold Database: навигация, оценка достоверности (pLDDT), применение предсказаний.	ЛК, ЛР, СЗ
		5.3	Поиск структурного сходства и молекулярный докинг	Поиск структурного сходства белков: VAST, DALI, CE-align — алгоритмы суперпозиции и метрики сходства (RMSD, TM-score). Структурная классификация белков: SCOP, CATH — иерархия (класс, фолд, суперсемейство, семейство).	ЛК, ЛР, СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				Молекулярный докинг: принцип, скоринговые функции. Инструменты: AutoDock Vina, HADDOCK, SwissDock. Применение в разработке лекарств: виртуальный скрининг библиотек соединений. Визуализация и анализ структур: PyMOL, UCSF Chimera, VMD.	
Раздел 6	Анализ экспрессии генов и регуляторные элементы геномов	6.1	Технологии измерения экспрессии генов и нормализация данных	Технологии создания данных по экспрессии генов: ДНК-микрочипы (принцип, Affymetrix, Agilent), RNA-seq, одноклеточная транскриптомика (scRNA-seq). Форматы данных: CEL, SOFT, count-матрицы. Нормализация данных микрочипов: RMA, quantile normalization. Нормализация RNA-seq данных: RPKM, FPKM, TPM, TMM. Контроль качества данных экспрессии: PCA, иерархическая кластеризация образцов.	ЛК, ЛР, СЗ
		6.2	Анализ дифференциальной экспрессии и кластеризация генов	Статистические методы выявления дифференциально экспрессированных генов: t-тест, ANOVA, DESeq2, edgeR, limma. Коррекция на множественные сравнения: Benjamini-Hochberg (FDR). Кластерный анализ профилей экспрессии: иерархическая кластеризация, k-средних, самоорганизующиеся карты. Визуализация: тепловые карты (heatmap), вулканические графики (volcano plot). Базы данных экспрессии: GEO, ArrayExpress, GTEx. Онлайн-инструменты: GEO2R, GEPIA, Expression Atlas.	ЛК, ЛР, СЗ
		6.3	Цис-регуляторные элементы: идентификация, предсказание и анализ	Цис-регуляторные элементы и их роль в регуляции экспрессии генов: промоторы, энхансеры, сайленсеры, инсуляторы, 5'- и 3'-UTR. Базы данных регуляторных элементов: JASPAR, TRANSFAC, ENCODE, Ensembl Regulatory Build. Методы идентификации известных мотивов транскрипционных факторов: FIMO, MAST (пакет MEME Suite). Предсказание de novo мотивов: MEME, Homer. Использование данных ChIP-seq и ATAC-seq для картирования регуляторных элементов. Практическая работа: поиск мотивов транскрипционных факторов в наборе промоторных последовательностей.	ЛК, ЛР, СЗ
		6.4	Анализ данных RNA-Seq и основы метагеномики	Принципы сборки и анализа данных RNA-seq: картирование транскриптома (HISAT2, STAR), сборка транскриптов (StringTie), количественная оценка (RSEM, kallisto). Анализ дифференциальной экспрессии генов: DESeq2, edgeR. Анализ	ЛК, ЛР, СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				альтернативного сплайсинга: rMATS. Основы метагеномики: 16S рРНК-анализ (QIIME2, DADA2) и полногеномная шотган-метагеномика (MetaPhlan, HUMAnN). Применение для анализа микробиома в медицине и биотехнологии.	

\* - 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.	Аудитория для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций. Мультимедийный проектор Everycom. Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3-2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB. Обеспечен выход в интернет
Компьютерный класс	Компьютерный класс для проведения занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная персональными компьютерами (в количестве ____ шт.), доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Компьютерный класс ЕГФ, оснащенная персональными компьютерами, доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.
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.	Аудитория для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций. Мультимедийный проектор Everycom. Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3-2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB. Обеспечен выход в интернет
Для самостоятельной	Аудитория для самостоятельной работы обучающихся (может использоваться для	Аудитория для проведения занятий

работы	проведения семинарских занятий и консультаций), оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютерами с доступом в ЭИОС.	лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций. Мультимедийный проектор Everycom. Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3-2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB. Обеспечен выход в интернет
--------	---	--

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

## 7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

### Основная литература:

1. Компо, Ф. Алгоритмы биоинформатики / Ф. Компо, П. Певзнер ; перевод с английского И. Л. Люско.. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 682 с. — ISBN 978-5-93700-175-7. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/314972>

2. NGS: высокопроизводительное секвенирование : монография / Д. В. Ребриков, Д. О. Коростин, Е. С. Шубина, В. В. Ильинский ; под редакцией Д. В. Ребрикова. — 6-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2024. — 235 с. — ISBN 978-5-93208-671-1. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/387620>

### Дополнительная литература:

1. Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 1 — 2019. — 135 с. — ISBN 978-5-98591-145-9. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/138707>

2. Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 2 — 2019. — 126 с. — ISBN 978-5-98591-147-3. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/138708>

3. Введение в биоинформатику / А. Леск ; Пер. с англ. под ред. А.А.Миронова, В.К.Швядаса. - М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. : ил. - ISBN 978-5-94774-501-6 : 0.00.

### 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 «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.elsevier.com/locate/elsevier/scopus/>

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

1. Курс лекций по дисциплине «Основы биоинформатики».

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

**РАЗРАБОТЧИК:**

Доцент ИФиБ

*Должность, БУП*

*Подпись*

Кезимана Парфэ

*Фамилия И.О.*

**РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:**

*Должность БУП*

*Подпись*

*Фамилия И.О.*

**РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:**

Директор ИФиБ

*Должность, БУП*

*Подпись*

Ромашенко Виктория  
Александровна

*Фамилия И.О.*