

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Ястребов Олег Александрович

Должность: Ректор

Дата подписания: 14.05.2026 12:41:58

Уникальный программный ключ:

ca953a01204891083f939673078ef1a989dae18a

**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:**

### **06.05.01 БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА**

(код и наименование направления подготовки/специальности)

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

### **БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА**

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

**2026 г.**

## 1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Введение в биоинформатику» входит в программу специалитета «Биоинженерия и биоинформатика» по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» и изучается в 6 семестре 3 курса. Дисциплину реализует Агробиотехнологический департамент. Дисциплина состоит из 3 разделов и 15 тем и направлена на изучение вычислительных инструментов и статистических методов для понимания сложных биологических данных и выявления молекулярных структур, функций и эволюции.

Целью освоения дисциплины является формирование представлений о предмете и основных концепциях биоинформатики, объектах изучения, методах и алгоритмах получения, представления и анализа данных.

## 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-12	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-12.1 Проводит оценку информации, ее достоверность, строит логические умозаключения на основании поступающих информации и данных;
УК-6	Способен определять и реализовывать приоритеты собственной деятельности и способы ее совершенствования на основе самооценки и образования в течение всей жизни	УК-6.2 Выстраивает гибкую профессиональную траекторию, используя инструменты непрерывного образования, с учетом накопленного опыта профессиональной деятельности и динамично изменяющихся требований рынка труда;
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;	ОПК-7.3 Владеть навыками применения современных информационных технологий и программных средств при решении задач биоинформатики и биоинженерии;

## 3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Введение в биоинформатику» относится к обязательной части 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-12	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	Биостатистика; Теория вероятностей и математическая статистика;	Компьютерные технологии в научных исследованиях; Математическое моделирование в биологии; Проектно-технологическая практика; <i>Технологии и практика программирования на языке Python для гуманитарных специальностей**</i> ; <i>Язык R и его применение в биоинформатике**</i> ; <i>Программное обеспечение для биоинформатики**</i> ; Практическая биоинформатика; Биоинформатика и системная биология; <i>Инфографика и технология презентаций**</i> ;
УК-6	Способен определять и реализовывать приоритеты собственной деятельности и способы ее совершенствования на основе самооценки и образования в течение всей жизни	<i>Психология и педагогика**</i> ;	Генная инженерия с основами проектной деятельности;
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;	<i>Программирование</i> ;	Алгоритмы в биоинформатике; Проектно-технологическая практика;

\* - 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 «5» зачетных единиц.

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)
			6
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	90		90
Лекции (ЛК)	36		36
Лабораторные работы (ЛР)	54		54
Практические/семинарские занятия (СЗ)	0		0
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	81		81
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	9		9
<b>Общая трудоемкость дисциплины</b>	<b>ак.ч.</b>	<b>180</b>	<b>180</b>
	<b>зач.ед.</b>	<b>5</b>	<b>5</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	Основные базы и банки данных биоинформатики. Российские «пионеры» профессии и отрасли (Лайнус Полинг, Анализ последовательностей глобинов нескольких позвоночных, гипотеза молекулярных часов, Маргарет Дейхофф, Однобуквенный код аминокислот А,С,Д,Е,Ф,Г,Н..., матрицы аминокислотных замен РАМ, и др.). Современные российские лидеры профессии и отрасли (Амос Байрох, Руководитель группы Swiss-Prot, Павел Яковлев — вице-президент по ранней разработке и исследованиям компании BIOCAD, Екатерина Храмеева — профессор Центра молекулярной и клеточной биологии «Сколтеха», и др.)	1.1	Основные базы и банки данных биоинформатики.	Поиск информации о заданном гене в различных базах данных, сопоставление результатов. NCBI, EBI, UCSC Genome Browser, National Genomic Data Center (China). Российские «пионеры» профессии и отрасли (Лайнус Полинг, Анализ последовательностей глобинов нескольких позвоночных, гипотеза молекулярных часов, Маргарет Дейхофф, Однобуквенный код аминокислот А,С,Д,Е,Ф,Г,Н..., матрицы аминокислотных замен РАМ, и др.). Современные российские лидеры профессии и отрасли (Амос Байрох, Руководитель группы Swiss-Prot, Павел Яковлев — вице-президент по ранней разработке и исследованиям компании BIOCAD, Екатерина Храмеева — профессор Центра молекулярной и клеточной биологии «Сколтеха», и др.)	ЛК, ЛР
		1.2	Поиск биомедицинской информации в базах данных (PubMed, РИНЦ).	Поиск публикаций по фамилии, тематике, ключевым словам. Поиск биомедицинской информации, статей с описанием функций генов, белков, заболеваний. Самостоятельное построение таблиц результатов	ЛК, ЛР
Раздел 2	Методы работы с последовательностями макромолекул	2.1	Выравнивание последовательностей генетических макромолекул.	Поиск и визуализация повторов DotPlot. Результат – компьютерная реконструкция графики.	ЛК, ЛР
		2.2	Парное и множественное выравнивание.	Использование пакета CLUSTAL, построение филогенетического дерева	ЛК, ЛР
		2.3	Поиск последовательностей в базах данных.	FASTA и BLAST. Поиск гомологии с помощью программ FASTA, BLAST и BLAT (BLAST-like alignment tool).	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
		2.4	Понятие филогенетического дерева.	Анализ эволюции генов и видов. Построение филогенетического дерева по набору последовательностей белков и генов, используя различные программы филогении.	ЛК, ЛР
		2.5	Построение филогенетических деревьев.	Пакеты CLUSTAL, MEGA. Построение филогенетических деревьев - CLUSTAL. Tree Plot, NGPhylogeny.fr, PhyML, MEGA. iTOL. Сравнение полученных результатов (рисунков).	ЛК, ЛР
		2.6	Структура гена и генома.	Повторы в ДНК. Сложность и энтропия текста. Задачи поиска повторов в последовательности заданного гена (получить последовательность из банков данных, разобранных ранее). Поиск повторов в геноме используя- REPuter, Complexity, TRF. Предсказание структуры гена. Использование ресурсов Softberry.com, UGENE.	ЛК, ЛР
		2.7	Вторичная структура РНК.	Визуализация структуры РНКс помощью пакетов ViennaRNA RNAfold, MFold, RNAstructure	ЛК, ЛР
		2.8	Вторичная и третичная структура белка.	Поиск структуры белка, визуализация вторичной структуры белка из UniProt, банка данных PDB	ЛК, ЛР
		2.9	Базы данных структурной и функциональной аннотации белков.	Классификация структур белков и доменов по базам SCOP, CATH. Компьютерная визуализация типа укладки домена белка (из баз данных и предсказанной по гомологии).	ЛК, ЛР
		Раздел 3	Системно-биологические подходы.	3.1	Генные сети.
3.2	Генные онтологии.			Определение категорий генных онтологий для списка генов с помощью ресурсов DAVID и PANTHER.	ЛК, ЛР
3.3	Высокопроизводительное секвенирование ДНК и базы данных.			GEO NCBI. Компьютерное построение кластеров дифференциально экспрессирующихся генов на основе GEO NCBI (Gene Expression Omnibus). Поиск информации о клинически значимых вариантах последовательностей генома – ClinVar, dbSNP, OMIM.	ЛК, ЛР
3.4	Геномные браузеры (навигаторы) NCBI, UCSC,			Ensembl. Визуализация положения заданного гена на хромосоме с помощью UCSC Genome Browser. Подготовка данных выборок Table Browser. Визуализация расположения сайтов связывания транскрипционных факторов.	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.	Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).
Компьютерный класс	Компьютерный класс для проведения занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная персональными компьютерами (в количестве 18 шт.), доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Компьютерный класс для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства (16 рабочих мест): Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты

		Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).
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.	Компьютерный класс для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства (10 рабочих мест): Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).

\* - 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. Часовских Н.Ю. Биоинформатика : учебник / Н. Ю. Часовских. - Электронные текстовые данные. - Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. : ил. URL: [https://lib.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link\\_FindDoc&id=497943&idb=0](https://lib.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link_FindDoc&id=497943&idb=0)

3. Основные начала молекулярной биологии: учеб. пособие. / Г.М.Дымщиц, О.В.Саблина; Новосиб. гос. ун-т. - Новосибирск: ИПЦ НГУ, 2020. - 196 с

4. Введение в информационную биологию и биоинформатику: В 5 т.: Учеб. Пособие / Отв. ред. Н.А.Колчанов, О.В. Вишневикий, Д.Р. Фурман. Новосиб. гос. ун-т. Новосибирск, 2012-2020. Т. 4. 336 с

### Дополнительная литература:

1. Володченкова, Л. А. Биоинформатика : учебное пособие : [16+] / Л. А. Володченкова ; Омский государственный университет им. Ф. М. Достоевского. – Омск : Омский государственный университет им. Ф.М. Достоевского (ОмГУ), 2018. – 44 с. : ил. – Режим доступа: по подписке. – URL: <https://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=563147>

2. Игнасиуту С. Основы биоинформатики. Москва-Ижевск, 2007

### 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/>

- Наукометрическая 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!**

**РАЗРАБОТЧИК:**

Профессор  
Агробиотехнологического  
департамента

*Должность, БУП*

*Подпись*

Орлов Юрий Львович

*Фамилия И.О.*

**РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:**

Директор  
Агробиотехнологического  
департамента

*Должность БУП*

*Подпись*

Пакина Елена Николаевна

*Фамилия И.О.*

**РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:**

Директор  
Агробиотехнологического  
департамента

*Должность, БУП*

*Подпись*

Пакина Елена Николаевна

*Фамилия И.О.*