

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Ястребов Олег Александрович
Должность: Ректор
Дата подписания: 23.04.2026 10:17:59
Уникальный программный ключ:
ca953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

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

Медицинский институт

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

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

ОСНОВЫ БИОИНФОРМАТИКИ

(наименование дисциплины/модуля)

Рекомендована МССН для направления подготовки/специальности:

06.03.01 БИОЛОГИЯ

(код и наименование направления подготовки/специальности)

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

БИОМЕДИЦИНА

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

2026 г.

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Основы биоинформатики» входит в программу бакалавриата «Биомедицина» по направлению 06.03.01 «Биология» и изучается в 6 семестре 3 курса. Дисциплину реализует Кафедра медицинской информатики и телемедицины. Дисциплина состоит из 4 разделов и 14 тем и направлена на изучение на получение базовых знаний о применении методов прикладной математики, статистики и информатики к решению фундаментальных и прикладных задач молекулярной биологии, молекулярной генетики, клеточной биологии, общей биологии, биомедицины.

Целью освоения дисциплины является получение базовых знаний о вычислительных методах для получения, анализа, хранения, организации и визуализации биологических данных, формирование умений практического применения полученных 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)
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 Эффективно использует цифровые средства для поиска, анализа и передачи информации; УК-12.2 Оценивает достоверность полученных данных и обоснованно строит логические умозаключения;
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;	ОПК-7.1 Понимает принципы работы современных информационных технологий, необходимых для решения задач профессиональной деятельности; ОПК-7.2 Использует современные информационные технологии при сборе, анализе, обработке и представлении информации, необходимой для решения стандартных профессиональных задач;
ОПК-8	Способен использовать методы сбора, обработки, систематизации и представления полевой и лабораторной информации, применять навыки работы с современным оборудованием, анализировать полученные результаты.	ОПК-8.3 Применяет математические методы для обработки экспериментальных данных, оценки достоверности и значимости полученных результатов;
ПК-1	Способен проводить	ПК-1.3 Анализирует, интерпретирует, оценивает, представляет

Шифр	Компетенция	Индикаторы достижения компетенции (в рамках данной дисциплины)
	исследования, испытания и экспериментальные работы в сферах фармацевтической разработки и биомедицинских технологий, составлять их описания и формулировать выводы	и защищает результаты выполненного исследования с обоснованными выводами;

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Основы биоинформатики» 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 «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*
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; Основы программирования на Python; Цифровая грамотность;	
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;	Получение первичных навыков научно-исследовательской работы; Получение первичных навыков научно-исследовательской работы в лабораториях биомедицинского профиля; Биостатистика;	
ОПК-8	Способен использовать методы сбора, обработки, систематизации и представления полевой и лабораторной	Клеточная биология; Зоология беспозвоночных; Микология и альгология; Высшие растения; Гистология;	Геномика и протеомика;

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
	информации, применять навыки работы с современным оборудованием, анализировать полученные результаты.	Зоология позвоночных; Биостатистика; Физиология человека и животных; Аналитическая химия; Микробиология; Биохимия; Генетика; Физиология растений; Биофизика; Получение первичных навыков научно-исследовательской работы; Получение первичных навыков научно-исследовательской работы в лабораториях биомедицинского профиля;	
ПК-1	Способен проводить исследования, испытания и экспериментальные работы в сферах фармацевтической разработки и биомедицинских технологий, составлять их описания и формулировать выводы	Цитогенетика; Практикум по генетике; Общая гистология; Практикум по гистологии и клеточной биологии; Энзимология; Практикум по биохимии; Общая физиология и культивирование микроорганизмов; Практикум по микробиологии;	Преддипломная практика; Практикум по генетике; Молекулярная генетика; Генетическая инженерия; Генетика человека с основами медицинской генетики; Генетика микроорганизмов; Практикум по гистологии и клеточной биологии; Частная гистология; Эмбриология и биология развития; Цитология и клеточная биология; Регенеративная биология и медицина; Практикум по биохимии; Биохимия органов и тканей; Биохимия клеточных мембран; Биохимия II (продвинутый курс); Медицинская биохимия; Практикум по микробиологии; Генетические основы устойчивости к антибактериальным препаратам; Экология микроорганизмов; Медицинская микробиология; Геносистематика и филогения микроорганизмов; Геномика и протеомика;

* - 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 «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)
			6
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	60		60
Лекции (ЛК)	30		30
Лабораторные работы (ЛР)	0		0
Практические/семинарские занятия (СЗ)	30		30
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	84		84
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	0		0
Общая трудоемкость дисциплины	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	Введение в биоинформатику: исторические этапы развития и современное состояние дисциплины	1.1	История возникновения и развития биоинформатики как науки.	Исторические этапы: законы Менделя (основы генетики), открытие нуклеина (нуклеиновых кислот Мишером), эксперимент Эйвери (ДНК — носитель наследственности), модель двойной спирали (структура ДНК Уотсона и Крика). Первые алгоритмы и базы данных. Первые методы секвенирования. Геном человека, секвенирование нового поколения (NGS), постгеномные проекты. Влияние расшифровки генома человека на развитие методов анализа больших биологических данных. Развитие «миксных» технологий. Предсказание 3D-структуры белка с помощью искусственного интеллекта.	ЛК, ЛР, СЗ
		1.2	Основные объекты, цели и задачи биоинформатики	Объекты биоинформатики (нуклеотидные и белковые последовательности, структуры макромолекул, данные экспрессии и вариаций). Цели и задачи биоинформатики. Использование методов биоинформатики для организации, хранения и анализа биологических данных при решении фундаментальных и прикладных задач.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 2	Информационные ресурсы в биоинформатике	2.1	Классификация ресурсов NCBI и навигация в экосистеме	Классификация ресурсов: первичные архивы (сырые данные), вторичные базы (аннотированные данные), специализированные ресурсы. NCBI, интеграция данных, Entrez. Экосистема NCBI, объединение баз (Nucleotide, Protein, Gene, PubMed, GEO). Кросс-ссылки, идентификаторы (GI, accession). Иерархическая организация баз данных. Навигация через меню, глобальный поиск. Переход от записи в Gene к последовательностям в Nucleotide и литературе в PubMed.	ЛК, ЛР, СЗ
		2.2	Поиск биомедицинской литературы	Библиографическая база биомедицинской литературы (PubMed), индексация статей из MEDLINE. MeSH (Medical Subject Headings). MeSH-термины (иерархия, включение более узких понятий), булевы операторы (AND, OR, NOT). Поисковый запрос, простой и расширенный поиск, фильтры. Построение логических выражений. Составление запроса для поиска научных статей.	ЛК, ЛР, СЗ
		2.3	Первичные и референсные нуклеотидные	Первичный архив нуклеотидных последовательностей	ЛК, ЛР,

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
			базы	(GenBank), минимальная аннотация. Референсные (эталонные) последовательности с унифицированной аннотацией (RefSeq). Интегрированный доступ к нуклеотидным записям (Nucleotide). Депонирование, версияность, референсная сборка. Форматы: FASTA (только последовательность) и GenBank (полная аннотация). Аннотация записи (источник, CDS, особенности). Визуальный анализ аннотации, экспорт	СЗ
		2.4	Интегрированная база Gene	База данных Gene. Информация о генах (геномные координаты, транскрипты, белки, фенотипы, публикации). Ген как функциональная единица, синонимы, локализация в геноме. Сводная страница гена. Экспорт списка известных вариантов гена и связанных публикаций.	ЛК, ЛР, СЗ
		2.5	Базы генетических вариаций	Полиморфизм, патогенный вариант, фенотип. Каталог коротких генетических вариантов (dbSNP), частоты в популяциях, клиническая значимость вариантов (pathogenic, benign), функциональный класс (миссенс, нонсенс). Энциклопедия генов и наследственных фенотипов (OMIM), детальные сведения о фенотипе, наследовании и молекулярной основе. Поиск по rs-номеру или названию болезни. Фильтрация вариантов по клинической значимости, изучение записей OMIM.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 3	Анализ последовательностей и филогенетика	3.1	Алгоритмы парного выравнивания	Парное выравнивание последовательностей (ДНК, РНК, белок), динамическое программирование, минимизация штрафа за вставки/делеции и максимизация сходства. Матрица замен (PAM, BLOSUM), штраф за гэп, оптимальный путь. Построение матрицы скоринга, обратный ход. Глобальное и локальное выравнивание.	ЛК, ЛР, СЗ
		3.2	Поиск гомологов	BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) — эвристический алгоритм. Seed, extension, E-value. Ожидаемое число случайных совпадений (E-value). Выравнивание, идентичность, сходство. Поиск белков в протеоме человека, гомологичных заданной нуклеотидной или аминокислотной последовательности.	ЛК, ЛР, СЗ
		3.3	Множественное выравнивание	Множественное выравнивание (MSA), консервативные участки. Прогрессивные (ClustalW) и итеративные (MUSCLE) методы. Логотип последовательности, консенсус, мотив. Визуализация цветовой схемой.	ЛК, ЛР, СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
		3.4	Филогенетические деревья	Эволюционные связи между последовательностями. Дистанционные методы (NJ), метод максимального правдоподобия (ML). Бустрап, модель замещения (Jukes-Cantor). MEGA, выбор модели эволюции, построение дерева (NJ, ML), оценка поддержки узлов бутстрэпом. Бутстрэп-значения, корень дерева, топология. Восстановление дерева для нескольких видов по множественному выравниванию генов.	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 4	Структурная биоинформатика и системная биология	4.1	Базы биологических путей	Сети метаболических, сигнальных и регуляторных реакций. Базы данных путей. Классификация функций генов (молекулярная функция, клеточный компонент, биологический процесс). Методы обогащения. Диаграммы путей. Выявление активированных сигнальных путей по списку дифференциально экспрессированных генов. (KEGG, Reactome), GO-обогащение, визуализация экспрессии.	ЛК, ЛР, СЗ
		4.2	База данных трёхмерных структур	Глобальный архив трёхмерных структур макромолекул (PDB (Protein Data Bank)), экспериментальные методы (рентгеноструктурный анализ, ЯМР, криоэлектронная микроскопия). Аннотация: координаты атомов, лиганды, активные центры, вторичная структура. Программы-визуализаторы, загрузка координатного файла, отображение белка в разных стилях, выделение активного центра, лигандов, измерение расстояний между атомами.	ЛК, ЛР, СЗ
		4.3	Предсказание структуры белка	Глубокое обучение, эволюционные ковариации для предсказания трёхмерной структуры белка (AlphaFold и TrRosetta). Молекулярный докинг — предсказание ориентации и аффинности связывания лиганда с белком-мишенью. Карта расстояний, функция скоринга, конформационный поиск. Подготовка рецептора (добавление водородов, оптимизация протонирования) и лиганда (генерация 3D-координат, задание заряда) перед докингом. Предсказание структуры белка по последовательности: AlphaFold и TrRosetta. Анализ водородных связей в модели для оценки стабильности и специфичности взаимодействий.	ЛК, ЛР, СЗ

* - 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.	Комплект мебели, технические средства: мультимедийный проектор Epson EB-965H, Моноблок Acer Aspire C24-865, Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в том числе MS Office/Office 365)
Компьютерный класс	Компьютерный класс для проведения занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная персональными компьютерами (в количестве 20 шт.), доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Комплект мебели, технические средства: мультимедийный проектор Epson EB-965H, Моноблок Acer Aspire C24-865, Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в том числе MS Office/Office 365,)
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.	Комплект мебели, технические средства: мультимедийный проектор Epson EB-965H, Моноблок Acer Aspire C24-865, Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в

		том числе MS Office/ Office 365,)
--	--	--------------------------------------

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

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература:

1. Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 249 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-20194-9. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/583663> (дата обращения: 24.03.2026).

2. Антао, Т. Биоинформатика с Python : руководство / Т. Антао ; перевод с английского И. Л. Люско. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 344 с. — ISBN 978-5-93700-201-3. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/455300>

3. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика: учебник / Н. Ю. Часовских. - Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5. - Текст: электронный // ЭБС "Консультант студента": [сайт]. - URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html>

Дополнительная литература:

1. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика: учебно-методическое пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск: СибГМУ, 2015. — 109 с.

2. Володченкова, Л. А. Биоинформатика: учебное пособие / Л. А. Володченкова. — Омск: ОмГУ, 2018. — 44 с.

3. 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>.

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

- 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 «Основы биоинформатики».

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

РАЗРАБОТЧИК:

доцент

Должность, БУП

Подпись

Лукьянова Елена
Анатольевна

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:

Заведующий кафедрой

Должность БУП

Подпись

Столяр Валерий
Леонидович [М]
Заведующий кафедрой

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Заведующий кафедрой

Должность, БУП

Подпись

Азова Мадина
Мухамедовна

Фамилия И.О.