

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«РОССИЙСКИЙ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ (РОСБИОТЕХ)»

**ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН
ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ**

Сертификат:
00D05D015A41D43C257354CF2FDDD93F88
Владелец: РОСБИОТЕХ
Действителен: с 11.11.2024 по 04.02.2026

Рабочая программа дисциплины (модуля)

Б1.В.02 Биоинформатика в микробиологии и селекции

Уровень высшего образования: **специалитет**
Специальность: **06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика**
Специализация: **Молекулярная и клеточная инженерия**
Квалификация: **биоинженер и биоинформатик**
Форма обучения: **очная**
Срок обучения: **5 лет**
Год набора: **2024**
Закреплена за кафедрой: **Биоэкологии и биологической безопасности**

Форма обучения **очная**
Общая **9 з.е.**

Часов по учебному плану	324
в том числе:	
аудиторные занятия	128
самостоятельная работа	193
контактная работа в электронной среде	0
часов на контроль	3

Виды контроля:
Зачет - 9 семестр
Экзамен - 10 семестр

Программу составил(и):

канд. хим. наук доцент Баймухамбетова Аделя Саметовна

Протокол кафедры: № 6 от 04.03.2025

1. ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

1.1. Цели:

использование существующих и разработка новых компьютерных и информационных ресурсов для анализа и интерпретации биологических данных различного типа (последовательностей ДНК, РНК и белков, пространственных структур РНК и белков, профилей экспрессии генов и др.);

формирование компетенций

обучающегося, направленных на создание свода знаний, навыков, позволяющих специалисту в области микробиологии оценить роль анализа микробных биополимеров в исследовании новых патогенов, а также в мониторинге свойств известных актуальных патогенов, и приобретение обучающимся элементарных

навыков работы с последовательностями биополимеров и биоинформационными базами данных

1.2. Задачи:

знакомство с основами биоинформатики, ее основными инструментами;

применение методов биоинформатики для анализа данных в микробиологии и селекции

представление о связи биоинформатики с другими естественными науками

2. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

2.1. Трудоемкость дисциплины и виды учебной работы

Общая трудоемкость дисциплины составляет 9 з.е.

2.2. Распределение часов дисциплины по семестрам

Семестр (<Курс>.<Семестр на курсе>)	9(5.1)		10(5.2)		Итого	
Вид занятий	УП	РП	УП	РП	УП	РП
Лекции	32	32	32	32	64	64
Лабораторные	32	32	32	32	64	64
Итого ауд.	64	64	64	64	128	128
Контактная работа	64	64	64	64	128	128
в том числе КРВЭС						
Сам. работа	79	79	114	114	193	193
Часы на контроль	1	1	2	2	3	3

3. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ, СООТНЕСЕННЫЕ С РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Компетенции	Индикаторы достижения компетенций	Знать:	Уметь:	Владеть (иметь практический опыт):
ПК-2 Способность осуществлять организационно-управленческую деятельность в области биоинженерии, биоинформатики смежных дисциплин	ПК-2.1 Может организовать работу коллективов исполнителей ПК-2.3 Участвует в сборе и подготовке исходных данных для выбора обоснования научно-технических организационных решений при использовании биоинженерных объектов	последовательность и ДНК, РНК и белков, пространственных структур РНК и белков, профилей экспрессии генов	оценить роль анализа микробных биополимеров в исследовании новых патогенов, а также в мониторинге свойств известных актуальных патогенов	работы с последовательностями биополимеров и биоинформационными базами данных

4. СТРУКТУРА, СОДЕРЖАНИЕ И ФОРМЫ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Раздел 1. Введение в биоинформатику

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
1.1	Основные биоинформатики понятия	Цели, задачи и методы, основные приложения. Основные понятия. Аминокислоты, строение и свойства. ДНК, РНК, нуклеотиды. Анализ последовательностей. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика.	9	Лек	6		опрос
1.2	Этапы биоинформатики. развития	Ранние этапы. Эпоха геномики. Эпоха постгеномики	9	Ср	39		самоконтроль
1.3	Специфика работы с биологическими данными	Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные изменения геной экспрессии) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).	9	Лек	8		опрос
1.4	Последовательности биополимеров, как особый тип данных. Принципы математического и программного анализа биополимеров	Поиск последовательностей. Парное выравнивание. Множественное выравнивание. Поиск и анализ гомологичных последовательностей	9	Лаб	8		защита лабораторной работы

Раздел 2. Биоинформатика последовательностей

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практической подготовки	
2.1	Парное выравнивание	Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятие	9	Лек	6		опрос
		гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST.					
2.2	Множественное выравнивание	Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, TCOffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.	9	Лек	6		опрос
2.3	Базы данных	Репозитории нуклеотидных последовательностей GenBank, EMBL, KEGG. База данных белковых последовательностей (UniProt). Банки данных белковых структур (PDBe, PDBj). Метаболические базы данных (KEGG PATHWAY). Медицинская база данных о генах и связанных с ними заболеваниями OMIM. Поисковая система интегрированного доступа к данным нуклеотидных и белковых последовательностей,	9	Лек	6		опрос

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
		геномно-ориентированной информации, данным трехмерных структур (Entrez, Sequence Retrieval System (SRS)). Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др.,					
2.4	Анализ белковых последовательностей	Анализ закономерностей формирования третичной структуры белка. Предсказание структуры белка	9	Лаб	8		защита лабораторной работы
2.5	Анализ нуклеотидных последовательностей и структур	Поиск рамки считывания в ДНК. Изучение структуры т-РНК. Предсказание вторичной структуры РНК	9	Лаб	8		защита лабораторной работы
2.6	Пространственные структуры биомолекул	Поиск структур и файлы PDB. Просмотр структур с использованием сервиса JSmol. Просмотр структур в программе DS Viewer Pro. Карты Рамачандрана и структурная организация белков	9	Лаб	8		защита лабораторной работы
2.7	Форматы данных	Модель данных NCBI. Формат данных для представления нуклеотидной последовательности и показателей качества FASTQ. Формат хранения разметки генов и элементов последовательностей ДНК	9	Ср	40		самоконтроль

Раздел 3. Структурная биоинформатика

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практической подготовки	
3.1	Структурные свойства биологических макромолекул	Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трех-мерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы	10	Лек	8		опрос
		предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.					
3.2	Анализ белковых структур. Молекулярный дизайн	Поиск функционального центра молекулы белка. Анализ взаимодействий в комплексе. Дизайн и докинг	10	Лаб	8		защита лабораторной работы
3.3	Программирование и веб-дизайн	Веб-дизайн. HTML – язык разметки гипертекста. Основы программирования	10	Лаб	8		защита лабораторной работы
3.4	Молекулярное моделирование структур биологических макромолекул	Понятие о «двугранных» углах полипептидной цепи. Карта Рамачандрана. Рентгеноструктурный анализ. Понятие о белковых доменах и их регистре. Домен, как единица эволюции. Биоинформационная реконструкция белка по типу «цель-шаблон». Анализ межбелковых взаимодействий.	10	Ср	38		самоконтроль

Раздел 4. Компьютерная геномика

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практической подготовки	
4.1	Анализ РНК и экспрессии генов	Структура и функция генов микроорганизмов. Структурная геномика. Функциональная геномика. Состав и функционирование геномов про- и эукариот, разнообразие и	10	Лек	8		опрос
		особенности геномов вирусов. Регуляция экспрессии генов. Эпигенетика и связанные с ней явления. Техники секвенирования нуклеиновых кислот. «Сборка» последовательностей. Геноидентификация и применение методов биоинформатики для внутривидового типирования. «Сборка», аннотирование и визуализация геномов. Анализ транскриптома. Анализ структурной организации особых форм РНК: рибосомальная РНК, рибозимы, виroidы.					
4.2	Программно-аппаратный анализ полинуклеотидов в геномике.	Интерактивный инструмент для визуального исследования геномных данных (The Integrative Genomics Viewer (IGV))	10	Лаб	8		
4.3	GS – секвенирование следующего поколения.	Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом	10	Лек	8		опрос
4.4	Системы интегрированного доступа к биоинформационным базам данных	Поисковая система интегрированного доступа к данным нуклеотидных и белковых последовательностей, геномно-ориентированной информации, данным трехмерных структур (Entrez, Sequence Retrieval System (SRS)) Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др.,	10	Ср	38		самоконтроль

Раздел 5. Прикладное программное обеспечение

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практической подготовки	
5.1	Методы анализа биологических данных	Статистический анализ данных. Методы дискретной математики. Математическое моделирование. Принципы и значение хеоминформатики в медицинской микробиологии, микробной метаболизме и токсикологии.	10	Лек	8		опрос
5.2	Основные программы поиска сходных или аминокислотных нуклеотидных последовательностей	Пакет программ BLAST. Пакет программ Bioconductor. Пакет программ Biopython. Пакет программ EMBL-EBI. Онлайн сервис REVIGO	10	Лаб	8		защита лабораторной работы
5.3	Получение изображений пространственных структур биологических макромолекул белков и нуклеиновых кислот (RasMol)	Работа с исходными данными. Интерактивное отображение. Работа с файлами скриптов. Экспорт изображений:	10	Ср	38		самоконтроль

* Лек - лекционные занятия; Пр - практические занятия; Лаб - лабораторные занятия; СР - самостоятельная работа; КРВЭС - контактная работа в электронной среде; Эк - экзамен; За - зачет; ЗаО - зачет с оценкой

5. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

5.1. Рекомендуемая литература

	Авторы,	Заглавие	Издательство, год	Адрес
5.1.1.	Кузнецов Е. М.	Информатика: учебник	Самара: ПГУТИ, 2023	https://e.lanbook.com/book/411770
5.1.2.	Часовских Н. Ю.	Биоинформатика: учебно-методическое пособие	Томск: СибГМУ, 2015	https://e.lanbook.com/book/105971
5.1.3.	Часовских Н.Ю.	Биоинформатика: учебник	Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2020	https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970455425.html

5.2. Перечень информационных технологий

5.2.1. Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства

Операционная система Linux

Свободный пакет офисных приложений OpenOffice

Microsoft Visual Studio Code

Microsoft Visual Studio Tools for Applications

5.2.2. Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем

Электронная информационно-образовательная среда РОСБИОТЕХ. Режим доступа: <https://i.cloud.mgupp.ru/>

Система e-learning РОСБИОТЕХ. Режим доступа: <http://e-learning.mgupp.ru/>

Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU. Режим доступа: <https://elibrary.ru/>

Электронная библиотечная система "Лань". Режим доступа: <https://e.lanbook.ru/>

Электронная библиотечная система "Znaniium". Режим доступа: <https://znaniium.ru/>

Национальная электронная библиотека. Режим доступа: <https://rusneb.ru/>

Справочно-информационная система "Консультант Плюс"

База данных по научным журналам

«Вся биология» - современная биология, статьи, новости, библиотека

Электронный учебник «Биология»

Медицинская микробиология

База данных по научным журналам: Science, Social Sciences, Arts&Humanities Citation Index

ЭБС "Консультант студента"

5.3. Методические рекомендации к изучению дисциплины

Методические указания для обучающихся при работе над конспектом лекций во время проведения лекции

Лекция – систематическое, последовательное, монологическое изложение преподавателем учебного материала, как правило, теоретического характера. В процессе лекций рекомендуется вести конспект, что позволит впоследствии вспомнить изученный учебный материал, дополнить содержание при самостоятельной работе с литературой, подготовиться к промежуточной аттестации. Следует также обращать внимание на категории, формулировки, раскрывающие содержание тех или иных явлений и процессов, научные выводы и практические рекомендации, положительный опыт в ораторском искусстве. Желательно оставить в рабочих конспектах поля, на которых делать пометки из рекомендованной литературы, дополняющие материал прослушанной лекции, а также подчеркивающие особую важность тех или иных теоретических положений. Любая лекция должна иметь логическое завершение, роль которого выполняет заключение. Выводы по лекции подытоживают размышления преподавателя по учебным вопросам. Формулируются они кратко и лаконично, их целесообразно записывать. В конце лекции, обучающиеся имеют возможность задать вопросы преподавателю по теме лекции.

Методические указания для обучающихся по выполнению практических и лабораторных работ

Практические и лабораторные работы выполняются в соответствии с учебным планом при последовательном изучении разделов (тем) учебной дисциплины.

Прежде чем приступить к выполнению практической работы, обучающемуся необходимо:

- ознакомиться с соответствующими разделами (темами) учебной дисциплины по рекомендованной учебной литературе;
- ознакомиться с порядком проведения занятия, критериях оценки результатов работы;
- ознакомиться с заданием и сроках выполнения, о требованиях к оформлению и форме представления результатов;
- настроить под руководством преподавателя инструментальные средства, необходимые для проведения практической работы (при их наличии).

В ходе выполнения практической (лабораторной) работы необходимо следовать инструкциям, использовать материал лекций, рекомендованной литературы, источников интернета, активно использовать помощь преподавателя на занятии.

Методические указания для обучающихся по организации самостоятельной работы

Самостоятельная работа обучающихся направлена на самостоятельное изучение отдельных тем/вопросов учебной дисциплины. Самостоятельная работа является обязательной для каждого обучающегося, ее объем по дисциплине определяется учебным планом.

Самостоятельная работа с учебниками, учебными пособиями, научной, справочной и популярной литературой, материалами периодических изданий и Интернета, статистическими данными

является наиболее эффективным методом самостоятельного получения знаний, позволяет значительно активизировать процесс овладения информацией, способствует более глубокому усвоению изучаемого материала, формирует у обучающихся свое отношение к конкретной проблеме. Изучая материал по учебной книге (учебнику, учебному пособию, монографии, и др.), следует переходить к следующему вопросу только после полного уяснения предыдущего, фиксируя выводы и вычисления (конспектируя), в том числе те, которые в учебнике опущены или на лекции даны для самостоятельного вывода. Особое внимание обучающийся должен обратить на определение основных понятий учебной дисциплины. Надо подробно разбирать примеры, которые поясняют определения. Рекомендуются составлять опорные конспекты. Выводы, полученные в результате изучения учебной литературы, рекомендуются в конспекте выделять. При самостоятельном решении задач нужно обосновывать каждый этап решения, исходя из теоретических положений учебной дисциплины. Вопросы, которые вызывают у обучающегося затруднение при подготовке, должны быть заранее сформулированы и озвучены во время занятий в аудитории для дополнительного разъяснения преподавателем. Самостоятельная работа является обязательной для каждого обучающегося, ее объем по учебной дисциплине определяется учебным планом.

6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ (оборудование и технические средства обучения)

Учебные аудитории для проведения учебных занятий, предусмотренных образовательной программой. Основное оборудование: комплект учебной мебели для обучающихся (стол, стул); рабочее место преподавателя (стол, стул); компьютер с выходом в интернет и обеспечением доступа в ЭИОС Университета; технические средства обучения: мультимедийное оборудование (проектор, экран), наглядные материалы – схемы плакаты.

Помещение для самостоятельной работы обучающихся - оснащено компьютерной техникой с возможностью подключения к информационно-телекоммуникационной сети "Интернет" и обеспечением доступа в ЭИОС Университета.

Учебная аудитория для проведения промежуточной аттестации Основное оборудование: рабочее место преподавателя (стол, стул, компьютер с выходом в интернет и доступом в ЭИОС Университета); комплект учебной мебели для обучающихся и компьютеры с выходом в Интернет и обеспечением доступа в ЭИОС Университета; технические средства обучения: мультимедийное оборудование (проектор, экран).

Специализированная лаборатория. Основное оборудование: комплект учебной мебели для обучающихся; рабочее место преподавателя, лабораторное оборудование, инвентарь, расходные материалы и средства. Технические средства обучения: мультимедийное оборудование, наглядные материалы – схемы плакаты.
