



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Дальневосточный федеральный университет»
(ДФУ)

ШКОЛА БИМЕДИЦИНЫ

СОГЛАСОВАНО

Руководитель ОП

В.В. Кумейко

«10» июля 2019 г.

УТВЕРЖДАЮ

Директор Департамента медицинской
биологии и биотехнологии

В.В. Кумейко

«10» июля 2019 г.



УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ КОМПЛЕКС ДИСЦИПЛИНЫ

Биоинформатика

Направление подготовки 19.03.01 Биотехнология

Профиль «Молекулярная биотехнология»

Форма подготовки очная

Школа биомедицины

Департамент клинической и функциональной медицины

курс 3 семестр 6

лекции 18 час.

практические занятия 36 час.

лабораторные работы - час.

в том числе с использованием МАО лек. 2 /пр. - 10 /лаб. - час.

в том числе в электронной форме лек. /пр. /лаб. час

всего аудиторных часов нагрузки 54 час.

в том числе с использованием МАО 12 час.

в том числе в электронной форме час.

самостоятельная работа 54 час.

в том числе на подготовку к экзамену - час.

зачет 6 семестр

экзамен - семестр

Учебно-методический комплекс составлен в соответствии с требованиями образовательного стандарта, самостоятельно устанавливаемого ДВФУ, утвержденного приказом ректора от **22.03.2017 № 12-13-485**.

УМКД обсужден на заседании Департамента медицинской биологии и биотехнологии, протокол № 11 от «10» июля 2019 г.

Составитель:

канд. хим.наук В.М. Табакмахер

I. Рабочая программа пересмотрена на заседании Департамента:

Протокол *от «10» июля 2019 г.* № 11

Директор Департамента



(подпись)

_____ В.В. Кумейко

(И.О. Фамилия)

II. Рабочая программа пересмотрена на заседании Департамента:

Директор Департамента

(подпись)

_____ В.В. Кумейко

(И.О. Фамилия)

АННОТАЦИЯ
учебно-методического комплекса дисциплины
«Биоинформатика»
образовательной программы по профилю
«Молекулярная биотехнология»
направления подготовки 19.03.01 «Биотехнология»

Учебно-методический комплекс дисциплины Б1.В.ОД.1.7 «Биоинформатика» составлен для обучающихся 3 курса по направлению 19.03.01 Биотехнология образовательной программы по профилю «Молекулярная биотехнология» в соответствии с требованиями образовательного стандарта, самостоятельно устанавливаемого ДВФУ, утвержденного приказом ректора от 22.03.2017 № 12-13-485 по данному направлению. Дисциплина Б1.В.ОД.1.7 «Биоинформатика» входит в технологический модуль вариативной части учебного плана.

Общая трудоемкость освоения дисциплины составляет 4 зачётных единицы, 108 часа. Учебным планом предусмотрены лекционные занятия (18 часов), практические занятия (36 часа), самостоятельная работа (54 часов). Дисциплина реализуется на 3 курсе в 6 семестре.

Содержание дисциплины охватывает следующий круг вопросов:

- принципами бионики – биомиметики, как сферы инженерной деятельности, ориентирующейся на строение живых систем;
- основные методы геной инженерии;
- основы биоинформационного подхода к современным биомедицинским наукам.

Дисциплина «Биоинформатика» логически и содержательно связана с такими курсами, как, «Инженерная энзимология», «Биоинженерия», «Генетика».

Дисциплина направлена на формирование общекультурных, общепрофессиональных и профессиональных компетенций.

Учебно-методический комплекс включает в себя:

- рабочую программу учебной дисциплины;
- учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы обучающихся (приложение 1);
- фонд оценочных средств (приложение 2).

Автор-составитель
учебно-методического комплекса

_____ В.М. Табакмахер



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Дальневосточный федеральный университет»
(ДВФУ)

ШКОЛА БИМЕДИЦИНЫ

СОГЛАСОВАНО
Руководитель ОП

 В.В. Кумейко
«10» июля 2019 г.

УТВЕРЖДАЮ
Директор Департамента медицинской
биологии и биотехнологии



 В.В. Кумейко
«10» июля 2019 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

Биоинформатика

Направление подготовки 19.03.01 «Биотехнология»

Профиль «Молекулярная биотехнология»

Форма подготовки очная

курс 3 семестр 6

лекции 18 час.

практические занятия 36 час.

лабораторные работы - час.

в том числе с использованием МАО лек. 2 /пр. - 10 /лаб. - час.

в том числе в электронной форме лек. /пр. /лаб. час

всего аудиторных часов нагрузки 54 час.

в том числе с использованием МАО 12 час.

в том числе в электронной форме - час.

самостоятельная работа 54 час.

в том числе на подготовку к экзамену - час.

курсовая работа / курсовой проект – не предусмотрен

зачет 6 семестр

экзамен - семестр

Рабочая программа составлена в соответствии с требованиями образовательного стандарта, самостоятельно устанавливаемого ДВФУ, утвержденного приказом ректора от **22.03.2017 № 12-13-485**.

Рабочая программа обсуждена на заседании Департамента медицинской биологии и биотехнологии, протокол № 11 от «10» июля 2019 г.

Составитель: канд. хим. наук В.М. Табакмахер

I. Рабочая программа пересмотрена на заседании Департамента:

Протокол *от «10» июля 2019 г.* № 11

Директор Департамента



(подпись)

_____ В.В. Кумейко

(И.О. Фамилия)

II. Рабочая программа пересмотрена на заседании Департамента:

Директор Департамента

(подпись)

_____ В.В. Кумейко

(И.О. Фамилия)

АННОТАЦИЯ
к рабочей программе дисциплины
«Биоинформатика»
образовательной программы по профилю
«Молекулярная биотехнология»
направления подготовки бакалавриата
19.03.01 Биотехнология

Рабочая программа учебной дисциплины Б1.В.ОД.1.7 «Биоинформатика» составлена для обучающихся по профилю «Молекулярная биотехнология» в соответствии с требованиями образовательного стандарта, самостоятельно устанавливаемого федеральным государственным автономным образовательным учреждением высшего образования «Дальневосточный федеральный университет» для реализуемых основных профессиональных образовательных программ по направлению подготовки 19.03.01 Биотехнология, уровень высшего образования бакалавриат, утвержденного приказом ректора от 22.03.2017 № 12-13-485.

Общая трудоемкость освоения дисциплины составляет 3 зачётных единицы, 108 часа. Учебным планом предусмотрены лекционные занятия (18 часов), практические занятия (36 часа), самостоятельная работа (54 часов). Дисциплина реализуется на 3 курсе в 6 семестре.

Дисциплина логически и содержательно связана с такими курсами, как «Общая биология», «Общая биология и микробиология», «Биоинженерия», «Биохимия», «Генетика».

Цель освоения дисциплины «Биоинформатика» состоит в том, чтобы научить обучающегося применять методы на основе современных информационных технологий для решения задач, возникающих в медицинской практике и биомедицинских научных исследованиях.

Задачи:

- ознакомить обучающегося с современным состоянием биоинформатики как науки и обозначить ее актуальные задачи, основные успехи и перспективы на сегодняшний день;
- разъяснить основные принципы хранения и извлечения научной информации;
- научить обучающегося использовать информационные ресурсы и подходы биоинформатики для решения задач медицинской практики, биомедицинских научных исследований, молекулярной биологии, эволюционной и медицинской генетики.

«Биоинформатика» является важной дисциплиной для подготовки обучающихся направления «Медицинская биотехнология». Она призвана расширить методологический арсенал обучающегося и научить его пользоваться современными инструментами, появившимися благодаря внедрению информационных технологий в современную биологию и медицину. В связи со стремительным развитием методов сбора, хранения и автоматизированной обработки информации о биомолекулярных системах, умение применять эти методы необходимо для эффективного проведения биохимических и медицинских исследований.

Для успешного изучения дисциплины «Биоинформатика» у обучающихся должны быть сформированы следующие предварительные компетенции:

- готовность использовать на практике методы гуманитарных, естественнонаучных, медико-биологических наук в учебной деятельности;
- способность и готовность выявлять естественнонаучную сущность проблем, анализировать результаты естественнонаучных, медико-биологических, совершенствовать свои профессиональные знания и навыки;
- способность и готовность к анализу информации при помощи системного подхода, к восприятию инноваций, к использованию полученных теоретических, методических знаний и умений по фундаментальным естественнонаучным, медико-биологическим дисциплинам в учебной работе.

Требования к базовым знаниям и умениям обучающегося, необходимым при освоении данной дисциплины, соответствуют знаниям, полученным обучающимся в рамках курсов «Общая биология», «Общая биология и микробиология», «Биоинженерия», «Биохимия», «Генетика», осваиваемых ранее.

Освоение данной дисциплины необходимо как предшествующее для успешного выполнения курсовой и квалификационной работ.

В результате изучения данной дисциплины у обучающихся формируются (расширяются) следующие общепрофессиональные и профессиональные компетенции (элементы компетенций):

Код и формулировка компетенции	Этапы формирования компетенции	
ОПК-1 способность осуществлять поиск, хранение, обработку и анализ информации из различных	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – области интереса биоинформатики, основные биохимические, генетические и биомедицинские задачи, решаемые подходами биоинформатики; – основы теории поиска информации;

источников и баз данных, представлять ее в требуемом формате с использованием информационных, компьютерных и сетевых технологий		<ul style="list-style-type: none"> – основные принципы структуры и динамики биомолекул; – фундаментальные основы генетической изменчивости организмов;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – применять знания основ теории поиска информации для извлечения научных данных из компьютерных сетей и специализированных баз данных; – применять знания основных принципов структуры и динамики биомолекул и фундаментальных основ генетической изменчивости организмов в профессиональной научной деятельности и медицинской практике; – применять подходы биоинформатики последовательностей и структурной биоинформатики для решения общих и частных задач биохимии, генетики и различных областей биомедицины;
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – подходами к эффективному поиску информации в компьютерных сетях и специализированных базах данных, в том числе, по биохимической и биомедицинской тематике; – подходами к первичному анализу экспериментальных данных о биологических молекулах;
ОПК-5 владение основными методами, способами и средствами получения, хранения, переработки информации, навыками работы с компьютером как средством управления информацией	Знает	– некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	– писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ПК-11 владение планированием эксперимента, обработкой и представлением полученных результатов	Знает	– некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические,

		<p>генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках;</p> <p>– писать и публиковать научно-популярные мини-статьи</p>
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ПК-12 готовность использовать современные информационные технологии в своей профессиональной области, в том числе базы данных и пакеты прикладных программ	Знает	– методами эффективного поиска и извлечения научных данных в компьютерных сетях;
	Умеет	<p>– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках;</p> <p>– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках;</p>
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ПК-14 готовность использовать современные системы автоматизированного проектирования	Знает	<p>– принципы выравнивания последовательностей биологических макромолекул;</p> <p>– принципы и способы эволюционного компьютерного анализа;</p> <p>– основные принципы полногеномных ассоциативных исследований;</p> <p>– основные подходы к моделированию структуры и взаимодействий биополимеров;</p>
	Умеет	<p>– применять современные информационные технологии для решения частных и общих задач в области своей профессиональной деятельности и научных интересов;</p> <p>– применять различные программные продукты для повышения эффективности</p>

		<p>профессиональной медицинской деятельности и научной работы;</p> <ul style="list-style-type: none"> – следить за новыми разработками в области анализа, обработки, систематизации и интерпретации данных биомедицинских, генетических и биохимических исследований
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – методами выравнивания и анализа последовательностей биологических макромолекул; – основными методами эволюционного компьютерного анализа; – с использованием персонального компьютера моделировать и анализировать структуру и взаимодействия биологических макромолекул; – основами полногеномных ассоциативных исследований;
<p>УК-3</p> <p>способность применять базовые представления об основных закономерностях и современных достижениях генетики и селекции, о геномике, протеомике</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – основные методологические подходы и общие принципы хранения и извлечения научных данных в компьютерных сетях; – способы эффективного и экономного поиска интересующих данных по заданной тематике с избеганием информационного шума; – крупнейшие базы данных по научной литературе и цитированию, способы доступа и принципы работы в них;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – проводить эффективный поиск научной медицинской и биохимической информации; – работать с крупнейшими базами данных по научной литературе и цитированию; – создавать персональные базы данных научных статей;
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – методами эффективного поиска и извлечения научных данных в компьютерных сетях; – подходами к систематизации научной информации и составления персональных баз данных научной информации;
<p>УК-6</p> <p>способность применять знания об основах биотехнологических и биомедицинских производств,</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические,

микробиологического синтеза, биокатализа, генной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования		генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи

Для формирования вышеуказанных компетенций в рамках дисциплины «Биоинформатика» применяются следующие методы активного/интерактивного обучения: лекция-визуализация (2 час.), круглый стол (6 час.).

I. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ТЕОРЕТИЧЕСКОЙ ЧАСТИ КУРСА

Раздел I. Биоинформатика в современной биологии и медицинской практике. Связь биоинформатики с молекулярной и структурной биологией (4 час.)

Тема 1. Обзорная лекция. Задачи и методы биоинформатики (2 час.)

История появления и развития биоинформатики. Базовые понятия. Биоинформатика последовательностей. Структурная биоинформатика. Области интереса, задачи биоинформатики. Методы биоинформатики, круг их применения в биологических исследованиях и медицинской практике.

Тема 2. Фундаментальные принципы молекулярной биологии и базовые понятия структурной биологии (2 час.)

Биологическая классификация и номенклатура. Центральная догма молекулярной биологии. Генетический код. Экспрессия генов. Изменчивость, мутации, нуклеотидные замены. Взаимосвязь структуры ДНК и белков. Основные принципы молекулярной эволюции. Гомологичные и сходные признаки. Дивергенция. Конвергенция.

Раздел II. Хранение и извлечение научной информации (4 час.)

Тема 3. Теория поиска информации (2 час.)

Теория поискового индексирования информации. Базовые принципы и понятия. Поисковые операторы, способы расширенного поиска. Профили поиска. Поисковые и метапоисковые системы. Организация баз данных, системы доступа в базы данных.

Тема 4. Доступ в архивы научной информации (2 час.)

Основные базы данных по научной литературе и системы доступа в них. Базы по цитированию научной литературы. Программы-менеджеры цитирования (системы управления библиографической информацией).

Раздел III. Структурная информация о биологических молекулах (10 час.)

Тема 5. Установление структуры биомолекул (4 час.)

Основные принципы организации структуры и динамики биомолекул. Базовые понятия. Уровни структурной организации белков и нуклеиновых кислот.

Методы установления первичной структуры нуклеиновых кислот. Секвенирование. Секвенирование нового поколения (NGS), геномное секвенирование. Полногеномные ассоциативные исследования. Основные базы данных нуклеотидных последовательностей. Форматы файлов.

Методы установления первичной структуры белков. Методы установления пространственной структуры биомолекул. Основные базы данных структурной и функциональной информации о белках. Форматы файлов. Базы данных взаимодействия биомолекул. Интерактомы.

Роль структурной информации о биологических молекулах в современных биохимических и медицинских исследованиях. «Омики»: геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика и другие системные подходы к анализу информации о структуре и функции биомолекул. Персонализированная медицина.

Тема 6. Анализ структуры биомолекул (4 час.)

Динамическое программирование. Точечные матрицы сходства. Теория выравнивания последовательностей. Использование программы BLAST для выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей.

Молекулярная филогенетика. Филогенетический анализ. Оценка генетических дистанций. Эволюционные модели. Построение филогенетических деревьев. Филогенетический анализ в таксономии. Кладистика.

Тема 7. Моделирование пространственной структуры биомолекул.

Занятие проводится с использованием метода активного обучения «лекция-визуализация» (2 час.)

Предсказание и моделирование пространственной структуры белков и белковых комплексов. Разнообразие подходов и базовые принципы, круг решаемых задач. Моделирование по гомологии. Структурные выравнивания. Моделирование *de novo*. Молекулярный докинг. Оценочные функции.

Молекулярная динамика. Понятие силового поля. Анализ белок-белковых и белок-лигандных взаимодействий.

II. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ПРАКТИЧЕСКОЙ ЧАСТИ КУРСА

Практические занятия (36 часов)

Занятие 1. Теория и практика поиска информации (6 час.)

1. Принципы индексирования информации и поиска в сети Интернет.
2. Практическое использование поисковых операторов, составление эффективных запросов.

Занятие 2. Системы управления библиографической информацией
Занятие проводится с использованием метода активного обучения «круглый стол» (6 час.)

1. Использование программ-менеджеров цитирования. EndNote, Mendeley, Docsear, Reference Manager.
2. Интеграция локального программного обеспечения для управления библиографической информацией с онлайн-системами поиска научной литературы и базам по цитированию.
3. Создание и организация персональных баз данных по научной литературе.
4. Совместная интеграция различных систем по научной литературе, экспорт и конвертация данных.

Занятие 3. Выравнивание последовательностей биомолекул (6 час.)

1. Программное обеспечение для анализа нуклеотидных и полипептидных последовательностей. Программное обеспечение для филогенетического анализа.
2. Использование программного обеспечения для выравнивания биологических последовательностей.
3. Использование программного обеспечения для конструирования ген-специфичных и вырожденных олигонуклеотидных зондов (праймеров).

Занятие 4. Филогенетический анализ (6 час.)

1. Дистанционный метод построения филогенетических деревьев.
2. Методы анализа дискретных признаков.
3. Статистическая оценка дерева, бутстреп-анализ.

Занятие 5. Анализ результатов секвенирования нуклеиновых кислот (6 час.)

1. Анализ геномов.
2. Полногеномные ассоциативные исследования.

Занятие 6. Моделирование пространственной структуры биомолекул (6 час.)

1. Молекулярные редакторы и визуализаторы.
2. Моделирование структуры низкомолекулярных соединений.
3. Моделирование структуры биополимеров.
4. Моделирование структуры белков по гомологии. Автоматическое моделирование структуры белков по гомологии.
5. *De novo* моделирование структуры белков.
6. Методы оценки качества моделей.

Занятие 7. Молекулярный докинг (6 час.)

1. Программное обеспечение для молекулярного докинга.
2. Белок-лигандный докинг. «Жесткий» и «гибкий» докинг.
3. Белок-белковый докинг.
4. Анализ результатов молекулярного докинга. Ранжирование решений молекулярного докинга с помощью оценочных функций.

Занятие 8 - 9. Молекулярная динамика (12 час.)

1. Операционная система Linux. Основы работы в консоли.
2. Программное обеспечение для проведения молекулярно-динамического эксперимента.
3. Программный пакет GROMACS.
4. Подготовка пространственной структуры белка.
5. Подготовка системы для запуска расчетов.
6. Выполнение молекулярно-динамического эксперимента.
7. Анализ траектории.

III. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ОБУЧАЮЩИХСЯ

Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы обучающихся по дисциплине «Биоинформатика» представлено в Приложении 1 и включает в себя:

- план-график выполнения самостоятельной работы по дисциплине, в том числе примерные нормы времени на выполнение по каждому заданию;
- характеристика заданий для самостоятельной работы обучающихся и методические рекомендации по их выполнению;
- требования к представлению и оформлению результатов самостоятельной работы;
- критерии оценки выполнения самостоятельной работы.

IV. КОНТРОЛЬ ДОСТИЖЕНИЯ ЦЕЛЕЙ КУРСА

Код и формулировка компетенции	Этапы формирования компетенции	
<p>ОПК-1 способность осуществлять поиск, хранение, обработку и анализ информации из различных источников и баз данных, представлять ее в требуемом формате с использованием информационных, компьютерных и сетевых технологий</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – области интереса биоинформатики, основные биохимические, генетические и биомедицинские задачи, решаемые подходами биоинформатики; – основы теории поиска информации; – основные принципы структуры и динамики биомолекул; – фундаментальные основы генетической изменчивости организмов;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – применять знания основ теории поиска информации для извлечения научных данных из компьютерных сетей и специализированных баз данных; – применять знания основных принципов структуры и динамики биомолекул и фундаментальных основ генетической изменчивости организмов в профессиональной научной деятельности и медицинской практике; – применять подходы биоинформатики последовательностей и структурной биоинформатики для решения общих и частных задач биохимии, генетики и различных областей биомедицины;
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – подходами к эффективному поиску информации в компьютерных сетях и специализированных базах данных, в том числе, по биохимической и биомедицинской тематике; – подходами к первичному анализу экспериментальных данных о биологических молекулах;
<p>ПК-14 готовность использовать современные системы автоматизированного</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – принципы выравнивания последовательностей биологических макромолекул; – принципы и способы эволюционного компьютерного анализа;

проектирования		<ul style="list-style-type: none"> – основные принципы полногеномных ассоциативных исследований; – основные подходы к моделированию структуры и взаимодействий биополимеров;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – применять современные информационные технологии для решения частных и общих задач в области своей профессиональной деятельности и научных интересов; – применять различные программные продукты для повышения эффективности профессиональной медицинской деятельности и научной работы; – следить за новыми разработками в области анализа, обработки, систематизации и интерпретации данных биомедицинских, генетических и биохимических исследований
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – методами выравнивания и анализа последовательностей биологических макромолекул; – основными методами эволюционного компьютерного анализа; – с использованием персонального компьютера моделировать и анализировать структуру и взаимодействия биологических макромолекул; – основами полногеномных ассоциативных исследований;
УК-3 способность применять базовые представления об основных закономерностях и современных достижениях генетики и селекции, о геномике, протеомике	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – основные методологические подходы и общие принципы хранения и извлечения научных данных в компьютерных сетях; – способы эффективного и экономного поиска интересующих данных по заданной тематике с избеганием информационного шума; – крупнейшие базы данных по научной литературе и цитированию, способы доступа и принципы работы в них;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – проводить эффективный поиск научной медицинской и биохимической

		<p>информации;</p> <ul style="list-style-type: none"> – работать с крупнейшими базами данных по научной литературе и цитированию; – создавать персональные базы данных научных статей;
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – методами эффективного поиска и извлечения научных данных в компьютерных сетях; – подходами к систематизации научной информации и составления персональных баз данных научной информации;
<p>УК-6</p> <p>способность применять знания об основах биотехнологических и биомедицинских производств, микробиологического синтеза, биокатализа, геномной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
<p>ОПК-5</p> <p>владение основными методами, способами и средствами получения, хранения, переработки информации, навыками работы с компьютером как средством управления информацией</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
<p>ПК-11</p> <p>владение планированием эксперимента,</p>	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-

обработкой и представлением полученных результатов		популярной форме;
	Умеет	– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ПК-12 готовность использовать современные информационные технологии в своей профессиональной области, в том числе базы данных и пакеты прикладных программ	Знает	– методами эффективного поиска и извлечения научных данных в компьютерных сетях;
	Умеет	– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках;
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи

Типовые контрольные задания, методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений и навыков и (или) опыта деятельности, а также критерии и показатели, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и характеризующие этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы, представлены в Приложении 2.

V. СПИСОК УЧЕБНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ И ИНФОРМАЦИОННО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература

(электронные и печатные издания)

1. Биоинформатика: учебник для академического бакалавриата вузов по техническим и естественнонаучным направлениям / В.Е. Стефанов, А.А. Тулуб, Г.Р. Мавропуло-Столяренко. – Москва: Юрайт, 2017. – 251 с.
<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:836777&theme=FEFU>

2. Биоинформационный анализ (практические работы): учебное пособие / И.С. Майоров, С.Ю. Голиков; Дальневосточный федеральный университет, Инженерная школа, Кафедра безопасности в чрезвычайных ситуациях и защиты окружающей среды. – Владивосток: Изд-во Дальневосточного федерального университета, 2015. – 282 с.
<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:845936&theme=FEFU>

3. Введение в биоинформатику: пер. с англ. / А. Леск. Москва: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2015. 318 с.
<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:797691&theme=FEFU>

4. Порозов, Ю.Б. Биоинформатика [Электронный ресурс] / Ю.Б. Порозов – Электрон. текстовые данные. – СПб.: Университет ИТМО, 2012. – 54 с. – Режим доступа: <http://www.iprbookshop.ru/65798.html>. – ЭБС «IPRbooks»

Дополнительная литература

(печатные и электронные издания)

1. Allergy Bioinformatics [Electronic resource] / Ailin Tao, Eyal Raz; Издатель: Springer Netherlands; Год: 2015.
<http://link.springer.com/openurl?genre=book&isbn=978-94-017-7444-4>

2. NGS высокопроизводительное секвенирование / Д.В. Ребриков, Д.О. Коростин, Е.С. Шубина [и др.]; под ред. Д.В. Ребрикова. – М.: Бином, 2015. 232 с. Режим доступа:
<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:797569&theme=FEFU>

3. NBIC-технологии. Инновационная цивилизация XXI века / А.К. Казанцев, В.Н. Киселев, Д.А. Рубвальтер [и др.]; под ред. А.К. Казанцева, Д.А. Рубвальтера. – Москва: Инфра-М, 2014. – 384 с.
<http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:753195&theme=FEFU>

4. Биохимия человека: пер. с англ. / Р. Марри, Д. Греннер, П. Мейес // М: Мир БИНОМ, 2009. 414 с. Режим доступа: <http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:277694&theme=FEFU>
5. Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход: пер. с англ. / Хаубольд Б., Вие Т. // М.: Изд-во Института компьютерных исследований «Регулярная и хаотическая динамика», 2011. 455 с. Режим доступа: <http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:673149&theme=FEFU>
6. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка. Учебник для вузов по биологическим специальностям / А. С. Спирин / М: Академия, 2011. 498 с. Режим доступа: <http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:669007&theme=FEFU>
7. Молекулярная эволюция и популяционная генетика: учебное пособие для вузов / Ю.Ф. Картавцев // Владивосток: изд-во Дальневосточного университета, 2009. 277 с. Режим доступа: <http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:292844&theme=FEFU>
8. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии: пер. с англ. / К.Уилсон, Дж.Уолкер // М.: Бином, 2012. 848 с. Режим доступа: <http://lib.dvfu.ru:8080/lib/item?id=chamo:705602&theme=FEFU>

Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

1. Портал «E-science», созданный с целью собрать наиболее полную и качественную библиотеку научной литературы, учебных пособий и материалов, а также с целью объединить учащихся, учителей, исследователей, ученых и любителей в одном месте и предоставить им удобную платформу для общения: <http://e-science.ru/home>
2. Информационная система «Единое окно доступа к образовательным ресурсам» предоставляет свободный доступ к каталогу образовательных интернет-ресурсов и полнотекстовой электронной учебно-методической библиотеке для общего и профессионального образования. <http://window.edu.ru/>
3. Информационный проект «MolBiol» по классической и молекулярной биологии: <http://www.molbiol.ru/>
4. Портал по биоинформатике, программированию и анализу данных: <http://www.bioinformatics.ru/>
5. Сайт Европейского Биоинформатического Института (The European Bioinformatics Institute, EMBL-EBI): <http://www.ebi.ac.uk/>

6. MENDELEY: Сервис управления библиографической информацией и создания персональных баз научных статей: <https://www.mendeley.com>

7. BLAST: Сайт компьютерных программ, служащих для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот: <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

8. GenBank: База данных аннотированных нуклеотидных последовательностей ДНК и РНК: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

9. UniProt: База данных аннотированных аминокислотных последовательностей белков: <http://www.uniprot.org/>

10. PDB: Банк данных пространственных структур белков и нуклеиновых кислот: <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>

11. SCOPUS: Библиографическая и реферативная база данных научных статей: <http://www.scopus.com/>

12. Web of Science: поисковая платформа, объединяющая реферативные базы данных публикаций в научных журналах и патентов: <https://apps.webofknowledge.com/>

13. PubMed: реферативная база данных медицинских и биологических публикаций Национального центра биотехнологической информации США (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>

Перечень информационных технологий и программного обеспечения

1. Использование программного обеспечения MS Office (Power Point, Word, Excel), Gimp, Adobe Reader, MEGA, Clustal, NJplot, GROMACS, PyMol, VMD, SPDBV, Discovery Studio Visualizer, UCSF Chimera.

2. Использование видеоматериалов портала <http://www.youtube.com>

3. Использование и работа со свободной энциклопедией «Википедия» <https://ru.wikipedia.org/>

4. Использование информационных материалов Научной библиотеки ДВФУ и связанных ресурсов.

5. Использование перечисленных выше и иных ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет».

VI. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ

Основным источником информации и структурирующим знания компонентом по дисциплине «Биоинформатика» является цикл лекций. Методика работы с лекционным материалом.

1. Обязательным условием является посещение всех лекций и конспектирование излагаемого материала.

2. Усвоение и закрепление материалов лекции необходимо проводить в первые дни после её прослушивания, так как это потребует наименьших затрат времени на изучение данной темы.

3. Вначале необходимо изучить конспект лекции, схемы и рисунки, приведённые в нём. При необходимости следует обратиться к рекомендованной литературе и дополнить лекционные сведения.

4. В заключение мысленно проработать ответы на вопросы плана лекции.

5. В случае пропуска лекции изучение материала по теме лекции проводить по рекомендованной литературе. При этом значительно увеличивается время самоподготовки.

6. Повторно возвратиться к материалам лекции необходимо: при подготовке к итоговому занятию; при подготовке к итоговому контролю (при этом необходимо обратить внимание на объём контрольных вопросов).

Работа с учебной и научной литературой является главной формой самостоятельной работы и необходима при подготовке к устному опросу, контрольным работам, зачету. Она включает проработку лекционного материала, изучение рекомендованных источников и литературы по тематике лекций.

Конспект лекции должен содержать реферативную запись основных вопросов лекции, предложенных преподавателем схем (при их демонстрации), основных источников и литературы по темам, выводы по каждому вопросу. Конспект должен быть выполнен в отдельной тетради по предмету. Он должен быть аккуратным, хорошо читаемым, не содержать не относящуюся к теме информацию или рисунки. Конспекты научной литературы при самостоятельной подготовке к занятиям должны быть выполнены также аккуратно, содержать ответы на каждый поставленный в теме вопрос, иметь ссылку на источник информации с обязательным указанием автора, названия и года издания используемой научной литературы. Конспект может быть опорным (содержать лишь основные ключевые позиции), но при этом позволяющим дать полный ответ по вопросу, может быть подробным. Объем конспекта определяется самим обучающимся. В процессе работы с учебной и научной литературой обучающийся может:

– делать записи по ходу чтения в виде простого или развернутого плана (создавать перечень основных вопросов, рассмотренных в источнике);

- составлять тезисы (цитирование наиболее важных мест статьи или монографии, короткое изложение основных мыслей автора);
- готовить аннотации (краткое обобщение основных вопросов работы);
- создавать конспекты (развернутые тезисы, которые).

Выбрав нужный источник, следует найти интересующий раздел по оглавлению или алфавитному указателю, а также одноименный раздел конспекта лекций или учебного пособия. В случае возникших затруднений в понимании учебного материала следует обратиться к другим источникам, где изложение может оказаться более доступным.

Необходимо отметить, что работа с литературой не только полезна как средство более глубокого изучения любой дисциплины, но и является неотъемлемой частью профессиональной деятельности будущего выпускника.

Одной из форм самостоятельной работы с научной литературой является выполнение творческих заданий - написании научно-популярных статей, подробно разобранные и представленные в Приложении 1.

VII. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Местоположение аудитории	Материальное обеспечение	Программное обеспечение
<p>Аудитория для проведения занятий лекционного и семинарского типа</p> <p>690922, Приморский край, г. Владивосток, остров Русский, полуостров Саперный, поселок Аякс, 10, Корпус 25.1, ауд. М421</p>	<p>Комплекты учебной мебели (столы и стулья), ученическая доска.</p> <p>Мультимедийный комплекс: Моноблок Lenovo C360G-i34164G500UDK; Экран проекционный Projecta Elpro Electrol, 300x173 см; Мультимедийный проектор, Mitsubishi FD630U, 4000 ANSI Lumen, 1920x1080; Врезной интерфейс с системой автоматического втягивания кабелей TLS TAM 201 Stan; Документ-камера Avervision CP355AF; Микрофонная петличная радиосистема УВЧ диапазона Sennheiser EW 122 G3 в составе беспроводного микрофона и приемника; Кодек видеоконференцсвязи LifeSizeExpress 220- Codeconly- Non-AES; Сетевая видеочкамера Multipix MP-HD718; Две ЖК-панели 47", Full HD, LG M4716CCBA; Подсистема аудиокоммутации и звукоусиления; централизованное бесперебойное</p>	<p>– Microsoft Office Professional Plus 2010; офисный пакет, включающий программное обеспечение для работы с различными типами документов (текстами, электронными таблицами, базами данных и др.);</p> <p>– 7Zip 9.20 - свободный файловый архиватор с высокой степенью сжатия данных;</p> <p>– ABBYY FineReader 11 - программа для оптического распознавания символов;</p> <p>– Adobe Acrobat XI Pro – пакет программ для создания и просмотра электронных публикаций в формате PDF;</p> <p>– ESET Endpoint Security - комплексная защита рабочих станций на базе ОС Windows. Поддержка виртуализации + новые технологии;</p> <p>– Coogle Chrome.</p>

	обеспечение электропитанием	
Компьютерный класс 690922, Приморский край, г. Владивосток, остров Русский, полуостров Саперный, поселок Аякс, 10, Корпус 25.1, ауд. ауд. М612	Комплекты учебной мебели (столы и стулья), ученическая доска. Моноблок HP ProOne 400 G1 AiO 19.5" Intel Core i3-4160T 4GB DDR3-1600 SODIMM (1x4GB)500GB Windows Seven Enterprise - 22 штуки; Проводная сеть ЛВС – Cisco 800 series; беспроводные ЛВС для обучающихся обеспечены системой на базе точек доступа 802.11a/b/g/n 2x2 MIMO(2SS).	– Microsoft Office Professional Plus 2010; офисный пакет, включающий программное обеспечение для работы с различными типами документов (текстами, электронными таблицами, базами данных и др.); – 7Zip 9.20 - свободный файловый архиватор с высокой степенью сжатия данных; – ABBYY FineReader 11 - программа для оптического распознавания символов; – Adobe Acrobat XI Pro – пакет программ для создания и просмотра электронных публикаций в формате PDF; – Adobe Photoshop CS6; – ESET Endpoint Security - комплексная защита рабочих станций на базе ОС Windows. Поддержка виртуализации + новые технологии; – Coogle Chrome.
Аудитория для самостоятельной работы студентов Читальные залы Научной библиотеки ДВФУ с открытым доступом к фонду (корпус А - уровень 10)	Комплекты учебной мебели (столы и стулья). Моноблок HP ProOne 400 All-in-One 19,5 (1600x900), Core i3-4150T, 4GB DDR3-1600 (1x4GB), 1TB HDD 7200 SATA, DVD+/-RW, GigEth, Wi-Fi, BT, usb kbd/mse, Win7Pro (64-bit)+Win8.1Pro(64-bit), 1-1-1 Wty Скорость доступа в Интернет 500 Мбит/сек. Рабочие места для людей с ограниченными возможностями здоровья оснащены дисплеями и принтерами Брайля; оборудованы: портативными устройствами для чтения плоскочечатных текстов, сканирующими и читающими машинами видеоувеличителем с возможностью регуляции цветовых спектров; увеличивающими электронными лупами и ультразвуковыми маркировщиками	– Microsoft Office Professional Plus 2010; офисный пакет, включающий программное обеспечение для работы с различными типами документов (текстами, электронными таблицами, базами данных и др.); – 7Zip 9.20 - свободный файловый архиватор с высокой степенью сжатия данных; – ABBYY FineReader 11 - программа для оптического распознавания символов; – Adobe Acrobat XI Pro – пакет программ для создания и просмотра электронных публикаций в формате PDF; – ESET Endpoint Security - комплексная защита рабочих станций на базе ОС Windows. Поддержка виртуализации + новые технологии; – Coogle Chrome.
Аудитория для самостоятельной работы студентов 690922, Приморский край, г. Владивосток, остров Русский, полуостров Саперный,	Комплекты учебной мебели (столы и стулья), ученическая доска. Моноблок Lenovo C360G-i34164G500UDK 19.5" Intel Core i3-4160T 4GB DDR3-1600 SODIMM (1x4GB)500GB Windows Seven Enterprise - 17 штук; Проводная сеть ЛВС – Cisco 800 series; беспроводные ЛВС для обучающихся обеспечены системой на базе точек доступа	– Microsoft Office Professional Plus 2010; офисный пакет, включающий программное обеспечение для работы с различными типами документов (текстами, электронными таблицами, базами данных и др.); – 7Zip 9.20 - свободный файловый архиватор с высокой степенью сжатия данных; – ABBYY FineReader 11 - программа

поселок Аякс, 10, Корпус 25.1, ауд. М621	802.11a/b/g/n 2x2 MIMO(2SS).	для оптического распознавания символов; – Adobe Acrobat XI Pro – пакет программ для создания и просмотра электронных публикаций в формате PDF; – ESET Endpoint Security - комплексная защита рабочих станций на базе ОС Windows. Поддержка виртуализации + новые технологии; – Google Chrome.
---	------------------------------	--

В целях обеспечения специальных условий обучения инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья в ДВФУ все здания оборудованы пандусами, лифтами, подъемниками, специализированными местами, оснащенными туалетными комнатами, табличками информационно-навигационной поддержки.



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Дальневосточный федеральный университет»
(ДВФУ)

ШКОЛА БИМЕДИЦИНЫ

**УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ
РАБОТЫ ОБУЧАЮЩИХСЯ
по дисциплине «Биоинформатика»**

направление подготовки **19.03.01 Биотехнология**
(уровень бакалавриата)
профиль **Молекулярная биотехнология**
Форма подготовки очная

**Владивосток
2019**

План-график выполнения самостоятельной работы по дисциплине

№ п/п	Дата/сроки выполнения	Вид самостоятельной работы	Примерные нормы времени на выполнение (час)	Форма контроля
1	1 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Задачи и методы биоинформатики	6	Конспект
2	2 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Фундаментальные принципы молекулярной биологии и базовые понятия структурной биологии	6	Конспект
3	3 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Теория поиска информации	6	Конспект
4	4 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Доступ в архивы научной информации	6	Конспект
5	5-6 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Установление структуры биомолекул	6	Конспект
6	7-8 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Анализ структуры биомолекул	6	Конспект
7	9 неделя	Работа с учебной литературой по теме: Моделирование пространственной структуры биомолекул	6	Конспект
8	10-16 неделя	Творческое задание - написание научно-популярных статей	6	Научно-популярная статья
9	17-18 неделя	Подготовка к зачетному занятию	6	Зачет

Рекомендации по ведению, требования к представлению и критерии оценки конспекта

Конспект должен содержать исходные данные источника, конспект которого составлен. В нём должны найти отражение основные положения текста. Объём конспекта не должен превышать одну треть исходного текста.

В конспекте можно сделать широкие поля, чтобы в нём можно было записать незнакомые слова, возникающие в ходе чтения вопросы. Основные рекомендации для конспектирования:

1. Внимательно прочитать весь текст или его фрагмент – параграф, главу.
2. Выделить информативные центры прочитанного текста.
3. Продумать главные положения, сформулировать их своими словами и записать.
4. Подтвердить отдельные положения цитатами или примерами из текста.
5. Использовать разные цвета маркеров, чтобы подчеркнуть главную мысль, выделить наиболее важные фрагменты текста.

Конспект – это сокращённая запись информации. В конспекте, как и в тезисах, должны быть отражены основные положения текста, которые при необходимости дополняются, аргументируются, иллюстрируются одним или двумя самыми яркими и, в то же время, краткими примерами.

Конспект может быть кратким или подробным. Он может содержать без изменения предложения конспектируемого текста или использовать другие, более сжатые формулировки.

Конспектирование является одним из наиболее эффективных способов сохранения основного содержания прочитанного текста, способствует формированию умений и навыков переработки любой информации. Конспект необходим, чтобы накопить информацию для написания более сложной работы (например, доклада, реферата, курсовой, дипломной работы).

Виды конспектов: плановый, тематический, текстуальный, свободный. Плановый конспект составляется на основе плана статьи или плана книги. Каждому пункту плана соответствует определенная часть конспекта. Тематический конспект составляется на основе ряда источников и представляет собой информацию по определенной проблеме. Текстуальный конспект состоит в основном из цитат статьи или книги. Свободный конспект включает в себя выписки, цитаты, тезисы.

Конспекты могут быть оформлены как в рукописном, так и машинописном варианте. Главным критерием оценивания является раскрытие основных понятий и вопросов по конспектируемым темам, которые приведены ниже.

Задачи и методы биоинформатики

История появления и развития биоинформатики. Появление термина «биоинформатика». История развития вычислительно-аналитических методов в биологической науке. Проект «Геном человека» и роль биоинформатики в его продвижении. Тенденция становления биологии как точной науки. Современное состояние биоинформатики: успехи, перспективы, актуальные и нерешенные задачи. Актуальность биоинформатики. Увеличение скорости накопления биологических и медицинских данных. Связь биоинформатики с другими современными разделами биологии и медицины. Близкие и смежные дисциплины: вычислительная биология, математическая биология. Цели и задачи биоинформатики. Анализ последовательностей биологических молекул (сиквенсов), выравнивания. Молекулярная филогенетика. Аннотация генов. Экспрессия генов. Структурная биоинформатика. Фолдинг.

Фундаментальные принципы молекулярной биологии и базовые понятия структурной биологии

Биологическая классификация и номенклатура. Использование последовательностей для определения филогенетических взаимосвязей. Молекулярная филогенетика. Кладистика. Центральная догма молекулярной биологии. Значение, смысл и реализация биологической информации. Молекулярно-генетический уровень организации жизни. Фундаментальная основа жизни. Транскрипция. Трансляция. Понятие генома и организация генома. Различия в организации генома прокариот и эукариот. Генетический код. Свойства кода. Особенности генетического кода у разных групп живых организмов. Расширенный генетический код и белковая инженерия. Геномика и секвенирование. Краткая история и суть метода секвенирования. Сборка геномов. Секвенирование целых геномов организмов. Идентификация, предсказание и аннотация генов. Изменчивость, мутации, нуклеотидные замены. Мутагенез. Причины появления мутаций и механизмы их закрепления в геноме. Транзиции и трансверсии. Синонимичные и несинонимичные замены. Вставки (инсерции), делеции, инверсии. Реорганизация генома. Эволюция нуклеотидной последовательности. Эпигенетические факторы изменчивости. Принципы молекулярной эволюции. Концепция молекулярных часов. Нейтральная теория молекулярной эволюции.

Теория поиска информации

Поисковое индексирование информации. Основные формы организации информации в компьютерных сетях. Понятие «метаданных». Разновидности и формы представления метаданных. Поисковые операторы, способы расширенного поиска. Булевы операторы. Основные разновидности логических операторов для построения расширенных поисковых запросов. Синтаксис поиска. Интерпретация запросов поисковыми системами. Регулярные выражения. Стоп-слова (шумовые слова). Поисковые системы. Порядок работы поисковой системы. Работа поисковых роботов. Методы оптимизации работы поисковых роботов. Карты сайта, ключевые слова, файл ограничения доступа роботам (стандарт исключения для поисковых роботов). Политика поисковых роботов (селективность, повторное посещение, «добросовестность», координация). Глубина индексирования. Другие разновидности вспомогательных поисковых программ. Поиск. Поисковая выдача информации. Рейтинг в поисковой выдаче. Метапоисковые системы. Организация баз данных, системы доступа в базы данных. Системы управления базами данных (СУБД). Различие между классической базой данных и «базой знаний». Экспертные системы. Автоматические умозаключения (рассуждения). Искусственный интеллект в системе функционирования баз знаний. Системы баз знаний. Системы вывода (построение логического вывода).

Доступ в архивы научной информации

Базы биохимических и биомедицинских данных: базы последовательностей нуклеиновых кислот, базы последовательностей белков, геномов, протеомов, структур биомолекул. Базы данных по экспрессии и протеомике. Банки данных метаболических путей. Основные базы данных по научной литературе и системы доступа в них. Наиболее популярные библиографические базы данных. Крупнейшие научные издательства. Springer. Thompson Reuters. Elsevier. PubMed. Highwire. Базы по цитированию академической литературы. Scopus. Web of Science. Индексы цитирования научной литературы. Импакт-фактор статей и журналов. Программы-менеджеры цитирования (системы управления библиографической информацией). Актуальность использования и сферы применения систем управления библиографической информацией. Локальные программы для управления библиографической информацией. Онлайн-системы управления библиографической информацией.

Установление структуры биомолекул

Основные принципы организации структуры и динамики биомолекул. Базовые понятия. Уровни структурной организации белков и нуклеиновых

кислот. Методы установления первичной структуры нуклеиновых кислот. Секвенирование. Секвенирование нового поколения (NGS) - высокопроизводительное секвенирование, геномное секвенирование. Технологические решения задачи высокопроизводительного секвенирования. Полногеномные ассоциативные исследования. Основные базы данных и форматы файлов нуклеотидных последовательностей. GenBank. Методы установления первичной структуры белков. Методы установления пространственной структуры биомолекул. Спектроскопия ядерного магнитного резонанса, криоэлектронная микроскопия, рентгеноструктурный анализ. UniProt. Protein Data Bank. Основные базы данных структурной и функциональной информации о белках. Форматы структурных файлов. Базы данных взаимодействия биомолекул. Интерактомы. Роль структурной информации о биологических молекулах в современных биохимических и медицинских исследованиях. «Омики»: геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика и другие системные подходы к анализу информации о структуре и функции биомолекул. Персонализированная медицина.

Анализ структуры биомолекул

Динамическое программирование. Построение и использование точечных матриц сходства. Алгоритмы выравнивания двух последовательностей. Общие принципы динамического программирования при выравнивании последовательностей. Алгоритмы Нидлмена – Вунша и Смита – Уотермана. Глобальное и локальное выравнивание. Мера сходства последовательностей. Система очков и штрафов при выравнивании: схемы оценки. Взвешивание инсерций и делеций. Учет отсутствующей информации. Множественные выравнивания. Вариации и обобщения выравниваний. Приближенные методы для быстрого поиска в базах данных. Использование компьютерных программ для выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Программы для множественного выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей по базам данных. BLAST. Молекулярная филогенетика. Филогенетический анализ. Оценка генетических дистанций. Эволюционные модели. Построение филогенетических деревьев. Наблюдаемые, истинные и расчетные дистанции. Расчет дистанций между нуклеотидными последовательностями: модель Джукса-Кантора и другие эволюционные модели. Аминокислотные дистанции, матрицы вероятностей аминокислотных замен. Филогенетический анализ в таксономии. Кладистика. Дистанционные методы построения филогенетических деревьев. Статистическая оценка дерева, бутстреп-анализ.

Моделирование пространственной структуры биомолекул

Понятие эксперимента *in silico*. Многоуровневость подхода *in silico*. Молекулярное моделирование, молекулярная механика. Вычислительная химия, квантовая механика. Методы молекулярного моделирования. Моделирование белков по гомологии (гомологичное моделирование). Идентификация структурного шаблона. Построение выравнивания. Структурное выравнивание. Оценка качества, оптимизация модели. Качество и сфера пригодности компьютерных моделей белков. Молекулярный докинг. Оценочная функция. Гибкий и жесткий докинг. Белок-белковый и белок-лигандный докинг. Понятие эмпирического силового поля. Топология молекулы. Оптимизация геометрии молекулы и минимизация потенциальной энергии. Метод Монте-Карло. Молекулярная динамика. История развития подходов к осуществлению молекулярно-динамического эксперимента. Периодические граничные условия. «Термостат» и «баростат». Моделирование молекул *de novo (ab initio)*. ROSETTA: эволюционно-физический подход к предсказанию структуры белков. Использование логики ROSETTA для решения задач современной физико-химической биологии и дизайне лекарств. Предсказание структуры белков. Дизайн новых ферментов.

Критерии оценки:

86-100 баллов выставляется обучающийся, если конспект представлен в максимально понятной форме, имеет в структуре план, схемы и рисунки, раскрывает все основные понятия и вопросы, приведенные выше;

76-85 баллов выставляется обучающийся, если конспект представлен в достаточно понятной форме, имеет в структуре схемы и/или рисунки, раскрывает более половины основных понятий и вопросов;

75-61 баллов выставляется обучающийся, если конспект представлен в относительно понятной форме и раскрывает половину основных понятий и вопросов;

60-50 баллов выставляется обучающийся, если конспект представлен в непонятной форме и раскрывает менее половины основных понятий и вопросов.

Рекомендации по выполнению самостоятельного творческого задания: требования к написанию, представлению и критерии оценки научно-популярной статьи

Выполнение творческого задания является обязательной частью самостоятельной работы обучающихся, необходимой для освоения курса

«Биоинформатика». Целью выполнения творческого задания является развитие у обучающихся навыков и умений анализа, систематизации и интерпретации данных, изложенных в научных статьях по актуальным вопросам медицинской биохимии и медицины, для представления их в научно-популярной форме, доступной различным слоям общества. Задачей выполнения творческого задания является написание научно-популярной статьи и публикация ее на ресурсе <https://ru.wikipedia.org/>.

Выполнение творческого задания в рамках данного курса неразрывно связано с работой обучающегося на практических занятиях, поскольку тема научно-популярной статьи определяется именно на практических занятиях. На практических занятиях преподаватель вместе со обучающимся выбирает хорошо исследованный белок, биохимическим и/или функциональным и/или структурным особенностям которого должна быть посвящена научно-популярная статья. Критерии выбора белка:

- достаточное количество (минимум 8-10) доступных экспериментальных и/или обзорных статей в научных изданиях для полноценной характеристики биохимических и/или функциональных и/или структурных особенностей белка в научно-популярной статье;

- наличие информации об этом белке в базе данных UniProt;

- наличие информации о гене, кодирующем этот белок, в банке данных GenBank;

- наличие структурной информации об этом белке в базе данных Protein Data Bank;

- наличие и информации во всех перечисленных в базах данных о структурных гомологах данного белка.

Примеры белков (тем для написания научно-популярных статей): катепсин G, миелобластин, трипсин, химотрипсин, альфа-бунгаротоксин, гемоглобин, миоглобин, инсулин, актин, лизоцим, тиоредоксин, кальциклудин, енолаза.

Для успешного выполнения творческого задания обучающийся на практических занятиях должен найти и получить доступ (загрузить на персональный компьютер) к полным текстам 8-10 экспериментальных и/или обзорных статей в научных изданиях, посвященных биохимическим и/или функциональным и/или структурным особенностям выбранного белка. При написании научно-популярных статей необходим анализ общей информации, изложенной в этих статьях.

При написании научно-популярной статьи логика анализа научной литературы сводится к выделению наиболее важных теоретических и фактические положений, связанных с темой научно-популярной статьи (то

есть, с объектом научно-популярного исследования), а также отражению наиболее в уникальных особенностей объекта исследования. Чтение научной литературы должно быть критическим. Не приветствуется отражение различных точек зрения на конкретные вопросы, связанные с объектом научно-популярного исследования. Не стоит отражать детали экспериментальных методик, использованных авторами научных публикаций при выполнении исследования. Не приветствуется субъективная оценка или выражение собственного отношения к идеям и выводам автора научной публикации. Научно-популярная статья в рамках творческого задания должна отражать лишь справочную информацию, изложенную живым научно-популярным языком. Не допускается использование просторечной или нецензурной лексики или жаргонизмов. Не приветствуется использование неологизмов. Не допускается копирование и компилирование чужих текстов по рассматриваемой проблеме. При цитировании (переводе) любых источников ссылка на них обязательна.

Примерные этапы работы над научно-популярной статьей

1. Формулирование темы.

Поскольку объектами для научно-популярного исследования в рамках данного творческого задания являются хорошо известные соединения, высока вероятность, что статьи о них уже имеются на ресурсе «Википедия». Поэтому тема статьи может быть расширена или, наоборот конкретизирована. Например, если объектом научно-популярной статьи является фермент миелобластин, который относится к группе сериновых протеиназ воспаления, то темы могут быть: «Роль миелобластина в неспецифическом воспалительном процессе», или «Сериновые протеиназы воспаления: структура и функции».

2. Составление библиографии.

3. Конспектирование или тезирование необходимого материала.

4. Систематизация зафиксированной и отобранной информации.

5. Определение основных понятий.

6. Написание статьи.

7. Редакторская правка.

В качестве редакторов можно привлечь одноклассников. Таким образом перед публикацией материала будут оценены не только грамотность изложения, но и общая логика статьи и доступность материала для понимания широкой аудиторией.

7. Публикация статьи на ресурсе «Википедия», согласно инструкциям (https://ru.wikipedia.org/wiki/Википедия:Как_создать_статью).

Критерии оценки

100-86 баллов выставляется обучающийся, если обучающийся ясно и четко изложил материал по заданной теме в виде научно-популярной статьи. Приведены данные научной литературы за последние 10 лет. Обучающийся владеет навыком самостоятельной аналитической работы, методами и приемами анализа теоретических и/или фактических аспектов изучаемой области; способен систематизировать научные данные, интерпретировать их и излагать в форме, понятной широким слоям общества. Фактических ошибок при описании объекта научно-популярного исследования нет.

85-76 баллов – статья характеризуется смысловой целостностью и связностью изложения; допущено не более 1 фактической ошибки при описании объекта научно-популярного исследования. Приведены данные научной литературы за последние 10 лет. Продемонстрированы навыки самостоятельной аналитической работы и систематизации научной информации. Фактических ошибок, связанных с пониманием проблемы, нет. Не весь материал изложен в форме, легко воспринимаемой широкими слоями общества.

75-61 балл – обучающийся проводит самостоятельный анализ, систематизацию и интерпретацию научных данных. Допущено не более 2 фактических ошибки при описании объекта научно-популярного исследования. Материал изложен в форме, с трудом воспринимаемой широкими слоями общества.

60-50 баллов – статья представляет собой переписанный (переведенный) исходный текст научной публикации. Изложение непоследовательно. Теоретические или фактические данные плохо систематизированы. Форма изложения не предполагает понимания материала широкими слоями общества. Допущено три или более трех ошибок при описании объекта научно-популярного исследования.



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Дальневосточный федеральный университет»
(ДВФУ)

ШКОЛА БИМЕДИЦИНЫ

**ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ
по дисциплине «Биоинформатика»**

направление подготовки **19.03.01 Биотехнология**
(уровень бакалавриата)
профиль **Молекулярная биотехнология**
Форма подготовки очная

**Владивосток
2019**

Паспорт ФОС

Шкала оценивания уровня сформированности компетенций

Код и формулировка компетенции	Этапы формирования компетенции	
ОПК-1 способность осуществлять поиск, хранение, обработку и анализ информации из различных источников и баз данных, представлять ее в требуемом формате с использованием информационных, компьютерных и сетевых технологий	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – области интереса биоинформатики, основные биохимические, генетические и биомедицинские задачи, решаемые подходами биоинформатики; – основы теории поиска информации; – основные принципы структуры и динамики биомолекул; – фундаментальные основы генетической изменчивости организмов;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – применять знания основ теории поиска информации для извлечения научных данных из компьютерных сетей и специализированных баз данных; – применять знания основных принципов структуры и динамики биомолекул и фундаментальных основ генетической изменчивости организмов в профессиональной научной деятельности и медицинской практике; – применять подходы биоинформатики последовательностей и структурной биоинформатики для решения общих и частных задач биохимии, генетики и различных областей биомедицины;
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – подходами к эффективному поиску информации в компьютерных сетях и специализированных базах данных, в том числе, по биохимической и биомедицинской тематике; – подходами к первичному анализу экспериментальных данных о биологических молекулах;
ПК-14 – готовность использовать современные системы автоматизированного проектирования	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – принципы выравнивания последовательностей биологических макромолекул; – принципы и способы эволюционного компьютерного анализа; – основные принципы полногеномных ассоциативных исследований; – основные подходы к моделированию структуры и взаимодействий

		биополимеров;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – применять современные информационные технологии для решения частных и общих задач в области своей профессиональной деятельности и научных интересов; – применять различные программные продукты для повышения эффективности профессиональной медицинской деятельности и научной работы; – следить за новыми разработками в области анализа, обработки, систематизации и интерпретации данных биомедицинских, генетических и биохимических исследований
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – методами выравнивания и анализа последовательностей биологических макромолекул; – основными методами эволюционного компьютерного анализа; – с использованием персонального компьютера моделировать и анализировать структуру и взаимодействия биологических макромолекул; – основами полногеномных ассоциативных исследований;
УК-3– способность применять базовые представления об основных закономерностях и современных достижениях генетики и селекции, о геномике, протеомике	Знает	<ul style="list-style-type: none"> – основные методологические подходы и общие принципы хранения и извлечения научных данных в компьютерных сетях; – способы эффективного и экономного поиска интересующих данных по заданной тематике с избеганием информационного шума; – крупнейшие базы данных по научной литературе и цитированию, способы доступа и принципы работы в них;
	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – проводить эффективный поиск научной медицинской и биохимической информации; – работать с крупнейшими базами данных по научной литературе и цитированию; – создавать персональные базы данных научных статей;
	Владеет	<ul style="list-style-type: none"> – методами эффективного поиска и извлечения научных данных в компьютерных сетях;

		– подходами к систематизации научной информации и составления персональных баз данных научной информации;
УК-6– способность применять знания об основах биотехнологических и биомедицинских производств, микробиологического синтеза, биокатализа, генной инженерии, нанобиотехнологии, молекулярного моделирования	Знает	– некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ОПК-5 владение основными методами, способами и средствами получения, хранения, переработки информации, навыками работы с компьютером как средством управления информацией	Знает	– некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	– писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ПК-11 – владение планированием эксперимента, обработкой и представлением полученных результатов	Знает	– некоторые подходы к популяризации и представлению результатов медицинских и биохимических исследований в популярной и научно-популярной форме;
	Умеет	– анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – писать и публиковать научно-популярные мини-статьи
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи
ПК-12 – готовность использовать современные информационные	Знает	– методами эффективного поиска и извлечения научных данных в компьютерных сетях;

технологии в своей профессиональной области, в том числе базы данных и пакеты прикладных программ	Умеет	<ul style="list-style-type: none"> – анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках; – анализировать, систематизировать и интерпретировать биохимические, генетические данные и данные биомедицинских исследований, содержащиеся в научных и научно-популярных источниках;
	Владеет	– навыками анализа и обработки научных данных и представления их в научно-популярной форме, такой как научно-популярные статьи

Методические рекомендации, определяющие процедуры оценивания результатов освоения дисциплины

Текущая аттестация обучающихся. Текущая аттестация обучающихся по дисциплине «Биоинформатика» проводится в соответствии с локальными нормативными актами ДВФУ и является обязательной.

Текущая аттестация по дисциплине «Биоинформатика» проводится в форме контрольных мероприятий (устного ответа, контрольной работы, творческого задания) по оцениванию фактических результатов обучения обучающихся и осуществляется ведущим преподавателем.

Объектами оценивания выступают:

- учебная дисциплина (активность на занятиях, своевременность выполнения различных видов заданий, посещаемость всех видов занятий по аттестуемой дисциплине);
- степень усвоения теоретических знаний;
- уровень овладения практическими умениями и навыками по всем видам учебной работы;
- результаты самостоятельной работы.

Промежуточная аттестация обучающихся. Промежуточная аттестация обучающихся по дисциплине «Биоинформатика» проводится в соответствии с локальными нормативными актами ДВФУ и является обязательной.

По дисциплине предусмотрен зачет в 6 семестре, проводимый в устной форме по вопросам к зачету, представленным ниже.

Оценочные средства для промежуточной аттестации

Вопросы на зачет (6 семестр)

1. История появления и развития биоинформатики.
2. Проект «Геном человека» и роль биоинформатики в его развитии.
3. Биоинформатика последовательностей.
4. Структурная биоинформатика.
5. Области интереса, цель и задачи биоинформатики.
6. Методы биоинформатики, круг их применения в биологических исследованиях и медицинской практике.
7. Биологическая классификация и номенклатура.
8. Центральная догма молекулярной биологии.
9. Геном. Организация геномов прокариот и эукариот.
10. Генетический код. Свойства кода.

11. Экспрессия генов.
 12. Изменчивость, мутации, нуклеотидные замены. Мутагенез.
 13. Причины появления мутаций и механизмы их закрепления в геноме.
 14. Эволюция нуклеотидных и полипептидных последовательностей.
- Принципы молекулярной эволюции.
15. Взаимосвязь структуры ДНК и белков.
 16. Теория поискового индексирования информации.
 17. Основные формы организации информации в компьютерных сетях.
 18. Метаданные.
 19. Поиск операторы, способы расширенного поиска.
 20. Синтаксис поиска.
 21. Поиск и метапоисковые системы.
 22. Организация баз данных, системы доступа в базы данных.
 23. Различие между классической базой данных и «базой знаний».
 24. Основные базы данных по научной литературе и системы доступа в них.
 25. Базы по цитированию научной литературы.
 26. Локальные программы для управления библиографической информацией. Онлайн-системы управления библиографической информацией.
 27. Уровни структурной организации белков и нуклеиновых кислот.
 28. Методы установления первичной структуры нуклеиновых кислот. Секвенирование ДНК. Секвенирование нового поколения (NGS).
 29. Методы установления первичной структуры белков. Секвенирование белков.
 30. Методы установления пространственной структуры биомолекул.
 31. Основные базы данных аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Форматы файлов аминокислотных и нуклеотидных последовательностей.
 32. Основные базы данных структурной и функциональной информации о белках. Форматы файлов пространственной структуры.
 33. Роль структурной информации о биологических молекулах в современных биохимических и медицинских исследованиях.
 34. «Омики»: геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика и другие системные подходы к анализу информации о структуре и функции биомолекул.
 35. Персонализированная медицина.
 36. Точечные матрицы сходства последовательностей.

37. Теория выравнивания последовательностей. Динамическое программирование.
38. Парное и множественное выравнивание последовательностей.
39. Глобальное и локальное выравнивание.
40. Мера сходства последовательностей.
41. Поиск гомологичных последовательностей. BLAST.
42. Предмет молекулярной филогенетики.
43. Филогенетический анализ.
44. Генетические дистанции.
45. Матрицы вероятностей аминокислотных замен.
46. Построение филогенетических деревьев.
47. Моделирование белков по гомологии.
48. Моделирование белков *de novo*. ROSETTA: эволюционно-физический подход к предсказанию структуры белков.
49. Молекулярный докинг. Оценочные функции.
50. Молекулярная динамика. Понятие силового поля.

Билеты для зачета по дисциплине «Биоинформатика» не предусмотрены. Количество вопросов на зачете определяется преподавателем индивидуально для каждого обучающегося (не более пяти).

Критерии выставления оценки обучающийся на зачете/экзамене по дисциплине «Биоинформатики»:

Баллы (рейтингов ой оценки)	Оценка зачета (стандартная)	Требования к сформированным компетенциям
85-100	«зачтено» / «отлично»	Оценка «отлично» выставляется обучающийся, если он глубоко и прочно усвоил программный материал, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, умеет тесно увязывать теорию с практикой, свободно справляется с задачами, вопросами и другими видами применения знаний, причем не затрудняется с ответом при видоизменении заданий, использует в ответе материал монографической литературы, правильно обосновывает принятое решение, владеет разносторонними навыками и приемами выполнения практических задач.
76-85	«зачтено» / «хорошо»	Оценка «хорошо» выставляется обучающийся, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, не

		допуская существенных неточностей в ответе на вопрос, правильно применяет теоретические положения при решении практических вопросов и задач, владеет необходимыми навыками и приемами их выполнения.
61-75	«зачтено» / «удовлетворительно»	Оценка «удовлетворительно» выставляется обучающийся, если он имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, испытывает затруднения при выполнении практических работ.
< 61	«не зачтено» / «не удовлетворительно»	Оценка «неудовлетворительно» выставляется обучающийся, который не знает значительной части программного материала, допускает существенные ошибки, неуверенно, с большими затруднениями выполняет практические работы.

Оценочные средства для текущей аттестации Вопросы для собеседований

Задачи и методы биоинформатики

1. История появления и развития биоинформатики. Появление термина «биоинформатика».
2. Проект «Геном человека» и роль биоинформатики в его развитии.
3. Современное состояние биоинформатики: успехи, перспективы, актуальные и нерешенные задачи.
4. Области интереса, задачи и методы биоинформатики.
5. Увеличение скорости накопления биологических и медицинских данных.
6. Связь биоинформатики с другими современными разделами биологии и медицины.
7. Близкие и смежные дисциплины: вычислительная биология, математическая биология.
8. Цели и задачи биоинформатики. Области интересов биоинформатики.
9. Анализ последовательностей биологических молекул (сиквенсов), выравнивания.
10. Структурная биоинформатика.

Фундаментальные принципы молекулярной биологии и базовые понятия структурной биологии

1. Биологическая классификация и номенклатура.
2. Использование последовательностей для определения филогенетических взаимосвязей.
3. Молекулярная филогенетика. Кладистика.
4. Центральная догма молекулярной биологии.
5. Значение, смысл и реализация биологической информации.
6. Молекулярно-генетический уровень организации жизни.
7. Фундаментальная основа жизни. Транскрипция. Трансляция.
8. Геном и организация генома. Различия в организации генома прокариот и эукариот.
9. Генетический код. Свойства кода. Особенности генетического кода у разных групп живых организмов.
10. Геномика и секвенирование.
11. Секвенирование геномов.
12. Идентификация, предсказание и аннотация генов.
13. Изменчивость, мутации, нуклеотидные замены. Мутагенез.
14. Причины появления мутаций и механизмы их закрепления в геноме.
15. Транзиции и трансверсии. Синонимичные и несинонимичные замены. Вставки (инсерции), делеции, инверсии.
16. Реорганизация генома. Эволюция нуклеотидных и полипептидных последовательности.
17. Принципы молекулярной эволюции. Концепция молекулярных часов. Нейтральная теория молекулярной эволюции.

Теория поиска информации

1. Поисковое индексирование информации.
2. Основные формы организации информации в компьютерных сетях.
3. Понятие «метаданных».
4. Поисковые операторы, способы расширенного поиска. Булевы операторы.
5. Поисковые системы. Порядок работы поисковой системы. Работа поисковых роботов.
6. Поиск. Поисковая выдача информации. Рейтинг в поисковой выдаче.
7. Метапоисковые системы.
8. Организация баз данных, системы доступа в базы данных. Системы управления базами данных (СУБД).

9. Различие между классической базой данных и «базой знаний».

Доступ в архивы научной информации

1. Базы биохимических и биомедицинских данных: базы последовательностей нуклеиновых кислот, базы последовательностей белков, геномов, протеомов, структур биомолекул.

2. Базы данных по экспрессии и протеомике.

3. Банки данных метаболических путей.

4. Основные базы данных по научной литературе и системы доступа в них.

5. Наиболее популярные библиографические базы данных.

6. Базы по цитированию академической литературы. Scopus. Web of Science.

7. Индексы цитирования научной литературы. Импакт-фактор статей и журналов.

8. Программы-менеджеры цитирования (системы управления библиографической информацией).

9. Локальные программы для управления библиографической информацией. Онлайн-системы управления библиографической информацией.

Установление структуры биомолекул

1. Основные принципы организации структуры и динамики биомолекул. Базовые понятия.

2. Уровни структурной организации белков и нуклеиновых кислот. Методы установления первичной структуры нуклеиновых кислот.

3. Секвенирование. Секвенирование нового поколения (NGS) - высокопроизводительное секвенирование.

4. Технологические решения задачи высокопроизводительного секвенирования.

5. Основные базы данных и форматы файлов нуклеотидных последовательностей. GenBank.

6. Методы установления первичной структуры белков.

7. Методы установления пространственной структуры биомолекул. Спектроскопия ядерного магнитного резонанса, криоэлектронная микроскопия, рентгеноструктурный анализ.

8. Основные базы данных структурной и функциональной информации о белках. UniProt. Protein Data Bank.

9. Форматы структурных файлов.

10. Базы данных взаимодействия биомолекул. Интерактомы.
11. Роль структурной информации о биологических молекулах в современных биохимических и медицинских исследованиях.
12. «Омики»: геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика и другие системные подходы к анализу информации о структуре и функции биомолекул. Персонализированная медицина.

Анализ структуры биомолекул

1. Динамическое программирование.
2. Построение и использование точечных матриц сходства.
3. Алгоритмы выравнивания двух последовательностей. Общие принципы динамического программирования при выравнивании последовательностей.
4. Алгоритмы Нидлмена – Вунша и Смита – Уотермена.
5. Глобальное и локальное выравнивание.
6. Мера сходства последовательностей.
7. Множественные выравнивания.
8. Приближенные методы для быстрого поиска в базах данных. BLAST.
9. Молекулярная филогенетика.
10. Филогенетический анализ.
11. Оценка генетических дистанций.
12. Эволюционные модели.
13. Построение филогенетических деревьев.
14. Расчет дистанций между нуклеотидными последовательностями: модель Джукса-Кантора и другие эволюционные модели.
15. Аминокислотные дистанции, матрицы вероятностей аминокислотных замен.
16. Филогенетический анализ в таксономии. Кладистика.
17. Дистанционные методы построения филогенетических деревьев. Статистическая оценка дерева, бутстреп-анализ.

Моделирование пространственной структуры биомолекул

1. Понятие эксперимента *in silico*. Многоуровневость подхода *in silico*.
2. Молекулярное моделирование и молекулярная механика. Вычислительная химия и квантовая механика.
3. Моделирование белков по гомологии (гомологичное моделирование). Структурное выравнивание.
4. Оценка качества, оптимизация модели. Качество и сфера пригодности компьютерных моделей белков.

5. Молекулярный докинг. Оценочная функция. Гибкий и жесткий докинг. Белок-белковый и белок лигандный докинг.
6. Понятие эмпирического силового поля.
7. Топология молекулы.
8. Оптимизация геометрии молекулы и минимизация потенциальной энергии. Метод Монте-Карло.
9. Молекулярная динамика. Периодические граничные условия.
10. Моделирование молекул *de novo* (*ab initio*).
11. ROSETTA: эволюционно-физический подход к предсказанию структуры белков.

Критерии оценки

100-85 баллов – если ответ показывает прочные знания основных процессов изучаемой предметной области, отличается глубиной и полнотой раскрытия темы; владение терминологическим аппаратом; умение объяснять сущность, явлений, процессов, событий, делать выводы и обобщения, давать аргументированные ответы, приводить примеры; свободное владение монологической речью, логичность и последовательность ответа; умение приводить примеры современных проблем изучаемой области.

85-76 – баллов - ответ, обнаруживающий прочные знания основных процессов изучаемой предметной области, отличается глубиной и полнотой раскрытия темы; владение терминологическим аппаратом; умение объяснять сущность, явлений, процессов, событий, делать выводы и обобщения, давать аргументированные ответы, приводить примеры; свободное владение монологической речью, логичность и последовательность ответа. Однако допускается одна - две неточности в ответе.

75-61 балл – оценивается ответ, свидетельствующий в основном о знании процессов изучаемой предметной области, отличающийся недостаточной глубиной и полнотой раскрытия темы; знанием основных вопросов теории; слабо сформированными навыками анализа явлений, процессов, недостаточным умением давать аргументированные ответы и приводить примеры; недостаточно свободным владением монологической речью, логичностью и последовательностью ответа. Допускается несколько ошибок в содержании ответа; неумение привести пример развития ситуации, провести связь с другими аспектами изучаемой области.

60-50 баллов – ответ, обнаруживающий незнание процессов изучаемой предметной области, отличающийся неглубоким раскрытием темы; незнанием основных вопросов теории, несформированными навыками анализа явлений, процессов; неумением давать аргументированные ответы,

слабым владением монологической речью, отсутствием логичности и последовательности. Допускаются серьезные ошибки в содержании ответа; незнание современной проблематики изучаемой области.

Типовая контрольная работа

Задание: В базе данных GenBank, доступ к которой осуществляется со страницы <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>, найдите последовательность матричной РНК для заданного гена определенного организма.

Примеры генов:

- ген катепсина G человека
- ген миелобластина человека
- ген трипсина человека
- ген химотрипсина человека
- ген альфа-бунгаротоксина
- ген гемоглобина человека
- ген миоглобина человека
- ген инсулина человека
- ген актина человека
- ген лизоцима человека
- ген тиоредоксина кишечной палочки
- ген кальциклудина человека
- ген енолазы человека

Выполните поиск гомологов и выравнивание найденной нуклеотидной последовательности при помощи программы BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) с апробированием различных алгоритмов и сравнением результатов их применения. Определите, какие последовательности из GenBank банка в наибольшей степени идентичны вашей последовательности (укажите 10 первых из них). Каким организмам они принадлежат? Результаты оформите в виде множественного выравнивания последовательностей (в plain-формате, и формате FASTA) ранжированных по степени идентичности. Результаты предоставьте в документе MS Word (doc, docx) или простом текстовом файле (txt).

Критерии оценки:

86-100 баллов выставляется обучающийся, если он оперативно решил поставленную задачу, результат удовлетворяет поставленным критериям, результат оформлен корректно.

76-85 баллов выставляется обучающийся, если он оперативно решил поставленную задачу, результат не удовлетворяет одному из поставленных критериев, но оформлен корректно.

75-61 баллов выставляется обучающийся, если он не оперативно решил поставленную задачу, результат не удовлетворяет двум из поставленных критериев, имеется не более двух ошибок в оформлении результата.

60-50 баллов выставляется обучающийся, если он не оперативно решил поставленную задачу, результат не удовлетворяет более чем двум из поставленных критериев, имеется более двух ошибок в оформлении результата, или результат оформлен некорректно.