



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ –  
МСХА имени К.А. ТИМИРЯЗЕВА»  
(ФГБОУ ВО РГАУ - МСХА имени К.А. Тимирязева)

Факультет агрономии и биотехнологии  
Кафедра генетики, биотехнологии, селекции и семеноводства

УТВЕРЖДАЮ:

Проректор по науке  
и инновационному развитию



С.Л. Белопухов

« 30 » августа 2017 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ  
БИОИНФОРМАТИКА**

для подготовки кадров высшей квалификации  
ФГОС ВО

Направление подготовки: **06.06.01 – Биологические науки**

Направленность программы: **Физиология и биохимия растений**

Год обучения - 2

Семестр обучения - 4

Язык преподавания - русский

Москва, 2017

Авторы рабочей программы: Голденкова-Павлова И.В., доктор биологических наук, профессор



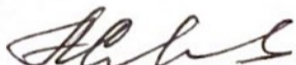
«28»августа 2017 г.

Рабочая программа предназначена для преподавания дисциплины Блока 1 «Дисциплины (модули)» аспирантам очной формы обучения.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки, утвержденного приказом Министерства образования и науки Российской Федерации от 30.07.2014 № 871 и зарегистрированного в Минюсте России 20.08.2014 № 33686.

Программа обсуждена на заседании кафедры генетики, биотехнологии, селекции и семеноводства

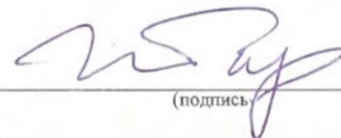
Зав. кафедрой Соловьев А.А., доктор биологических наук, профессор



«28»августа 2017 г.

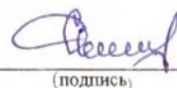
Рецензент: Тараканов И.Г., д.б.н., профессор

(ФИО, ученая степень, ученое звание)

  
(подпись)

**Проверено:**

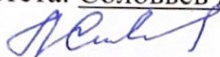
Начальник учебно-методического отдела  
Управления подготовки кадров  
высшей квалификации

  
(подпись)

С.А. Дикарева

**Согласовано:**

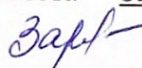
Декан факультета: Соловьев А.А., доктор биологических наук, профессор



28 августа 2017 г.

Программа обсуждена на заседании Ученого совета факультета агрономии и биотехнологии, протокол № 13 от 28 августа 2017 г.

Секретарь ученого совета факультета Заренкова Н.В., кандидат сельскохозяйственных наук, доцент



28 августа 2017 г.

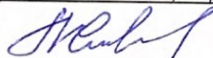
Программа принята учебно-методической комиссией факультета агрономии и биотехнологии, протокол №6 от 28 августа 2017 г

Председатель учебно-методической комиссии Милюкова Н.А., к.б.н., доцент



28 августа 2017 г.

Заведующий кафедрой Соловьев А.А., доктор биологических наук, профессор



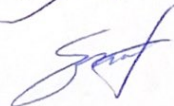
28 августа 2017 г.

Начальник УИТ



М.Ю. Годов

Отдел комплектации ЦНБ



Е.А. Комарова

**Копия электронного варианта получена:**

Начальник отдела поддержки  
дистанционного обучения УИТ



К.И. Ханжиян

## Содержание

АННОТАЦИЯ .....	5
1. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ).....	6
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ) В СТРУКТУРЕ ООП.....	6
3. ОБЩАЯ ТРУДОЕМКОСТЬ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ).....	7
4. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ).....	7
5. ВХОДНЫЕ ТРЕБОВАНИЯ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ), ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ УСЛОВИЯ.....	12
6. ФОРМАТ ОБУЧЕНИЯ.....	12
7. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ), ВИДЫ УЧЕБНЫХ ЗАНЯТИЙ И ФОРМ ИХ ПРОВЕДЕНИЯ.....	12
7.1 Распределение трудоёмкости дисциплины (модуля) по видам работ.....	12
7.2 Содержание дисциплины.....	13
7.3 Образовательные технологии.....	20
7.4 Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины (модуля).....	21
8. ФОРМА ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ И ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ.....	27
9. РЕСУРСНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ.....	31
9.1 Перечень основной литературы.....	31
9.2 Перечень дополнительной литературы.....	31
9.3 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет».....	31
9.4 Описание материально-технической базы.....	32
9.4.1 Требования к аудиториям.....	32
10. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ АСПИРАНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ПО ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЮ).....	33
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ).....	34

## АННОТАЦИЯ

Учебная дисциплина (модуль) «Биоинформатика» является важной составной частью Учебного плана подготовки аспирантов по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки, направленности программ: Физиология и биохимия растений; Биотехнология (в том числе бионанотехнологии); Генетика.

Основная задача учебной дисциплины (модуля) – освоение аспирантами теоретических и практических знаний в области биоинформатики, в частности растений, животных и микроорганизмов. Дисциплина (модуль) «Биоинформатика» в системе биологических наук изучает основные объекты и методы исследований в биоинформатики, а также способы решения биоинформатических проблем. Излагаются вопросы о применении алгоритмов и программных инструментов в современной генетике, биотехнологии и сельском хозяйстве. Аспиранты получают представление о достижениях в области биоинформатике для растений, животных, микроорганизмов и человека. Рассматриваются вопросы анализа биологических текстов с использованием высокопроизводительных алгоритмов и современного вычислительного оборудования.

Общая трудоемкость учебной дисциплины (модуля) «Биоинформатика» составляет 6 зачетных ед., в объеме 216 часов.

Контроль знаний аспирантов проводится в форме текущей и промежуточной аттестации.

Текущая аттестация аспирантов – оценка знаний и умений проводится постоянно на практических занятиях с помощью тестовых заданий, решению типовых задач, а также оценки самостоятельной работы аспирантов.

Промежуточная аттестация аспирантов проводится в форме итогового контроля по дисциплине – дифференцированный зачет .

**Ведущие преподаватели:** Голденкова-Павлова И.В. , доктор биологических наук, профессор кафедры генетики, биотехнологии, селекции и семеноводства.

## 1. Цель и задачи дисциплины (модуля)

Целью изучения дисциплины (модуля) Б1.В.ДВ.1 «Биоинформатика» является освоение аспирантами теоретических и практических знаний, приобретение умений и навыков в области биоинформатики, познания современных методов биоинформатики, ознакомление с современными достижениями в области биоинформатики.

Задачи дисциплины:

- научить аспиранта подбирать, обрабатывать и анализировать научно-техническую и патентную информацию по тематике исследования с использованием специализированных баз данных, включая интернет-технологии;
- проводить поиск и разрабатывать новые эффективные пути решения биоинформатических проблем, использовать современные и адекватные программные продукты, включая наиболее производительные алгоритмы обработки биологических текстов;
- уметь выделять, идентифицировать и проводить анализ основных вычислительных проблем в научной практике;
- понимать биохимические и биологические закономерности процессов биосинтеза, микро- и макрокинетики роста популяций микроорганизмов и клеточных культур, взаимодействия микроорганизмов, вирусов с клетками, метаболических путей и особенностей утилизации субстрата и синтеза продуктов метаболизма;
- создавать теоретические модели, позволяющие получать релевантные данные в рамках целевого исследования;
- уметь подготавливать научно-техническую отчетную документацию, аналитические обзоры и справки, документацию для участия в конкурсах научных проектов, публикации научных результатов.

2. Место дисциплины в структуре основной профессиональной образовательной программы высшего образования – программе подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре (далее программа аспирантуры).

Дисциплина (модуль) Б1.В.ДВ.1 «Биоинформатика» включена в перечень ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации), в Блок 1 «Дисциплины (модули)» вариативной части. Реализация в дисциплине «Биоинформатика» требований ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации), ОПОП ВО и Учебного плана по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки.

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина, являются: генетика, физиология растений, основы биотехнологии, селекция растений, информатика.

Знания и навыки, полученные аспирантами при изучении данного курса, необходимы при подготовке к сдаче кандидатского экзамена по специальности и написании научно-квалификационной работы (диссертации) по направленности программ: Физиология и биохимия растений; Биотехнология (в том числе бионанотехнологии); Генетика.

Дисциплина (модуль) является основополагающей в учебном плане подготовки аспирантов по направлению подготовки 06.06.01 – Биологические науки, направленности программ: Физиология и биохимия растений; Биотехнология (в том числе бионанотехнологии); Генетика.

Особенностью учебной дисциплины (модуля) «Биоинформатика» является биологическая направленность. Аспирантам в области биотехнологии необходимо познакомиться с основными достижениями в области биоинформатики и направлениями исследований в России и за рубежом. Это предполагает знания объектов, принципов и современных методов биоинформатики.

3. Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 6 зачетных единиц, 216 часов, из которых 92 часов составляет контактная работа аспиранта с преподавателем (28 часов занятия лекционного типа, 28 часов занятия семинарского типа) 124 часов составляет самостоятельная работа аспиранта, 36 часов подготовка к зачёту.

4. Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю), соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы аспирантуры

Дисциплина должна формировать следующие компетенции:

УК-1- способностью к критическому анализу и оценке современных научных достижений, генерированию новых идей при решении исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях;

УК-2- способностью проектировать и осуществлять комплексные исследования, в том числе междисциплинарные, на основе целостного системного научного мировоззрения с использованием знаний в области истории и философии науки

УК-4- готовностью использовать современные методы и технологии научной коммуникации на государственном и иностранном языках

УК-5- способностью планировать и решать задачи собственного профессионального и личностного развития

ОПК-1 - способностью самостоятельно осуществлять научно-исследовательскую деятельность в соответствующей профессиональной

области с использованием современных методов исследования и информационно-коммуникационных технологий;

Освоение учебной дисциплины (модуля) «Биоинформатика» направлено на формирование у аспирантов профессиональных компетенций (ПК), представленных в таблице 1.

Контроль знаний аспирантов проводится в форме текущей и промежуточной аттестации.

Текущая аттестация аспирантов – оценка знаний и умений проводится постоянно на практических занятиях с помощью коллоквиумов, тестовых заданий, решению типовых задач, оценки самостоятельной работы аспирантов.

Промежуточная аттестация аспирантов проводится в форме итогового контроля по дисциплине – дифференцированный зачет.



Таблица 1  
 Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю) «Биоинформатика», соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы аспирантуры

№ п/п	Код компетенции	Содержание формируемых компетенций	В результате изучения дисциплины(модуля) обучающиеся должны:		
			знать	уметь	владеть
1	УК-1	способностью к критическому анализу и оценке современных научных достижений, генерированию новых идей при решении исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях	современные научные достижения в области биоинформатики и российских и зарубежных исследователей	Генерировать новые идеи для поставленных научных задач и применять их на практике	Современными методами биоинформатики для решения научно-исследовательских задач
2	УК-2	способностью проектировать и осуществлять комплексные исследования, в том числе междисциплинарные, на основе целостного системного научного мировоззрения с использованием знаний в области истории и философии науки	Современные подходы к планированию экспериментов, основы методологии междисциплинарных исследований в биоинформатике	Осуществлять исследованную на стыке нескольких фундаментальных дисциплин.	Методами биоинформатики, позволяющими ставить и решать проблемы связанные со взаимодействием нескольких направлений исследований
3	УК-4	готовностью использовать современные методы и технологии научной коммуникации на государственном и иностранном языках	Основные ресурсы, на которых опубликованы современные методы исследований.	Осуществлять поиск протоколов. Следовать протоколу эксперимента.	Иностранным языком и научной терминологией на русском языке для успешного поиска описания методик исследования, адекватной постановки

4	УК-5	<p>способностью планировать и решать задачи собственного профессионального и личностного развития</p>	<p>Подходы к планированию и решению задач собственного профессионального развития</p>	<p>Профессионально и лично развиваться в рамках поставленных задач в области биоинформатики</p>	<p>экспериментов. Методами профессионального и личностного развития в области биоинформатических исследований</p>
6	ОПК-1	<p>способностью самостоятельно осуществлять научно-исследовательскую деятельность в соответствующей профессиональной области с использованием современных методов исследования и информационно-коммуникационных технологий</p>	<p>современные методы исследования и информационно-коммуникационных технологий в области биоинформатики</p>	<p>Самостоятельно применять современные методы исследования и информационно-коммуникационных технологий в области биоинформатики самостоятельно проводить научно-исследовательскую деятельность</p>	<p>Навыками проведения научно-исследовательской работы с применением методов биоинформатики</p>

5. Входные требования для освоения дисциплины (модуля), предварительные условия

Курс предполагает наличие у аспирантов знаний и умений по физиологии, биохимии, селекции растений, генетики, основ информатики.

## 6. Формат обучения

Обучающиеся из числа лиц с ограниченными возможностями здоровья обеспечиваются электронными и (или) печатными образовательными ресурсами в формах, адаптированных к ограничениям их здоровья.

7. Содержание дисциплины (модуля), виды учебных занятий и формы их проведения.

### 7.1. Распределение трудоемкости дисциплины (модуля) по видам работ

Общая трудоёмкость дисциплины составляет 6 зач.ед. (216 часов), их распределение по видам работ представлено в таблице 2.

Таблица 2

**Распределение трудоемкости дисциплины по видам работ**

Вид учебной работы	Трудоемкость	
	зач. ед.	час.
<b>Общая трудоемкость</b> дисциплины по учебному плану	<b>6</b>	<b>216</b>
<b>Аудиторные занятия</b>	<b>1,6</b>	<b>56</b>
Лекции (Л)		28
Практические занятия (ПЗ)		14
Семинары (С)		14
<b>Самостоятельная работа (СРА)<sup>1</sup></b>	<b>3,4</b>	<b>124</b>
в том числе:		
самоподготовка к текущему контролю знаний		124
Вид контроля:		
<b>Дифференцированный зачёт</b>	<b>1</b>	<b>36</b>

<sup>1</sup> Оставить только те виды учебной работы, которые включены в СРА по дисциплине

## 7.2. Содержание дисциплины (модуля)

Тематический план дисциплины

Таблица 3

Наименование разделов и тем дисциплин (модулей)	Всего, час.	Контактная работа, час.			Самостоятельная работа, час.
		Лекция	Практич. занятие	Семинар	
<b>Раздел 1. Базы данных и работа с ними</b>	<b>70</b>	<b>7</b>	<b>5</b>	<b>5</b>	<b>60</b>
Тема 1-1. Базы данных научно-технической информации.	20	2		2	20
Тема 1-2. Базы данных биологических текстов.	25	2	2	3	20
Тема 1-3. Работа базами данных биологических текстов.	25	3	3		20
<b>Раздел 2. Алгоритмы поиска и обработки информации, содержащейся в биологических текстах</b>	<b>110</b>	<b>21</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>100</b>
Тема 2-1. Сравнение последовательностей.	20	2	2	2	12
Тема 2-2. Поиск гомологичных последовательностей.	20	2	3	3	12
Тема 2-3. Статистическая обработка биологических текстов.	20	3			10
Тема 2-4. Анализ и предсказание функциональной активности.	25	5	2	2	10
Тема 2-5. Анализ и предсказание структуры биологических молекул.	25	2	2	2	20
Зачёт	36				36
<b>Итого по дисциплине (модулю)</b>	<b>216</b>	<b>28</b>	<b>14</b>	<b>14</b>	<b>160</b>

### Содержание дисциплины (модуля)

#### Лекционные занятия

#### Введение

Определение биоинформатики как подхода и комплекса методов для анализа научных данных. Практический и алгоритмический подход в биоинформатике. Молекулярная биология, генетика, математика и информатика – фундаментальная основа биоинформатики.

## **Раздел I. Базы данных и работа с ними**

### **Тема 1. Базы данных научно-технической информации.**

Научно-техническая информация как основа для дальнейших исследований. Специфика депонирования научных публикаций и технических данных. Правила публикации научных данных. Виды публикаций. Размещение патентной информации.

Поиск опубликованных материалов по теме исследования. Общий и специализированный поиск. Использование операторов поиска для конкретизации ответа поисковой машины.

Получение доступа к полнотекстовым публикациям. Правовые аспекты доступа к полнотекстовым статьям. Авторское право.

Базы данных научно-технической информации. PubMed, eLibrary и т.д.

### **Тема 2. Базы данных биологических текстов.**

Классификация баз данных биологических текстов. Преимущества публичного хранения биологической информации. Условия доступа к данным б.д. биологических текстов. Авторское право и условия публикации последовательностей. Курируемые базы данных. Специфические базы данных. GeneBank. Базы данных аминокислотных последовательностей.

### **Тема 3. Работа базами данных биологических текстов.**

Доступ к базам данных через браузер. Доступ к базам данных с использованием протокола FTP. Автоматический доступ с применением программных продуктов.

Поиск в базах данных. Использование различных алгоритмов для оптимизации поисковых запросов.

Загрузка и скачивание информации в базах данных.

## **Раздел II. Алгоритмы поиска и обработки информации, содержащейся в биологических текстах**

### **Тема 1. Сравнение последовательностей.**

Сравнение последовательностей — наивный метод. Редакционное расстояние. Выравнивание. Обзор подходов к сравнению последовательностей. Вывод информации при автоматическом сравнении последовательностей,

основные форматы данных. Переносимость данных от различных программных продуктов. Обзор программ сравнения последовательностей.

## Тема 2. Поиск гомологичных последовательностей.

Анализ степени гомологии. Метод молекулярных часов. Статистические методы оценки гомологии двух последовательностей. Алгоритмы поиска мотивов.

Различия в подходе к поиску гомологичных паттернов у белков и нуклеиновых кислот.

Сравнительный анализ современных алгоритмов поиска гомологичных мотивов. Современные программные продукты для определения степени гомологии и поиска гомологов.

Алгоритм BLAST, область его применения, возможность автоматизации поиска.

Построение филогенетических деревьев.

## Тема 3. Статистическая обработка биологических текстов.

Статистический подход к анализу биологических текстов. Поиск закономерностей. Регрессионный анализ. Байесовский анализ. Метод опорных векторов. Применение нейросетей для анализа биологических текстов. Современные программные инструменты для реализации статистического анализа биологических текстов.

## Тема 4. Анализ и предсказание функциональной активности.

Алгоритмы анализа и предсказания функциональной активности. Программная реализация предсказания функциональной активности. Поиск мотивов, положительно влияющих на процесс реализации генетической информации. Поиск паттернов, приводящих к негативному эффекту для процессов транскрипции и трансляции.

Тема 5. Анализ и предсказание структуры биологических молекул.

Алгоритмы анализа и предсказания структуры белков и нуклеиновых кислот. Программная реализация предсказания структуры биомолкул. Предсказание, основанное на гомологии. Предсказание *de novo*. Вторичная структура РНК. Анализ вторичной структуры олигонуклеотидов. Проекты, посвящённые анализу фолдинга белка. Применение распределённых вычислений для анализа структуры биомолекул.

Таблица 4

Содержание практических/семинарских занятий по дисциплине и контрольных мероприятий

№ п/п	Наименование разделов и тем дисциплины (укрупнено)	№ и название практических/семинарских занятий	Вид контрольного мероприятия	Количество академических часов
<b>Раздел I. Базы данных и работа с ними</b>				<b>7</b>
	Тема 1-1. Базы данных научно-технической информации.			
	Тема 1-2. Базы данных биологических текстов.	Семинар №1 «Обзор баз данных биологических текстов»	оценка уровня знаний по теме - опрос	2
	Тема 1-3. Работа с базами данных биологических текстов.	Семинар №2 «Поиск информации по целевым исследованиям в открытых базах данных»		2
<b>Раздел II. Алгоритмы поиска и обработки информации, содержащейся в биологических текстах</b>				<b>7</b>
	Тема 2-1. Сравнение последовательностей.	Лабораторная работа №1 «Поиск и анализ нуклеотидных и аминокислотных последовательностей по теме исследования»		2
	Тема 2-2. Поиск гомологичных последовательностей.	Лабораторная работа №1 «Поиск и анализ нуклеотидных и аминокислотных последовательностей по теме исследования» (Продолжение)	Защита лабораторной работы №1	3

	Тема 2-3. Статистическая обработка биологических текстов.	Семинар №3 «Поиск регуляторных мотивов на основе статистического подхода»	оценка уровня знаний по теме - опрос	2
	Тема 2-4. Анализ и предсказание функциональной активности.	Семинар №4 «Анализ и предсказание функциональной активности.»	оценка уровня знаний по теме - опрос	2
	Тема 2-5. Анализ и предсказание структуры биологических молекул.	Семинар №4 «Анализ и предсказание структуры биологических молекул.»	оценка уровня знаний по теме - опрос	2
	<b>Итого по дисциплине (модулю)</b>			28

### 7.3. Образовательные технологии

Таблица 5

#### Активные и интерактивные формы проведения занятий

№ п/п	Тема и форма занятия		Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий	Кол-во часов
1	Работа с базами данных биологической информации.	Л	Сравнительный анализ инструментов для работы с генетическими текстами на конкретных примерах.	4
2	Сравнение последовательностей.	Л	Всестороннее рассмотрение принципов сравнения последовательностей при помощи моделей <i>in silico</i> .	4
3	Предсказание функциональной активности последовательностей и мотивов.	Л	Разбор методов предсказания функциональной активности последовательностей и мотивов при помощи моделей <i>in silico</i> .	4
4	Статистическая обработка биологических текстов.	С	Тематическая дискуссия	5
5	Предсказание функциональной активности последовательностей и мотивов.	С	Тематическая дискуссия	6
Всего				23

Общее количество часов аудиторных занятий, проведённых с применением активных и интерактивных образовательных технологий составляет 23 часа (41,07 % от общей аудиторной трудоемкости дисциплины).



#### 7.4. Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины (модуля)

Таблица 6

#### Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	Кол-во часов
1	Введение		4
<b>Раздел I. Базы данных и работа с ними</b>			<b>45</b>
2	Тема 1-1. Базы данных научно-технической информации.	1. Понятие биоинформатики. 2. Базы данных. 3. Классификация баз НТИ.	15
3	Тема 1-2. Базы данных биологических текстов.	1. Типизация баз данных биологических текстов, 2. Курируемые б.д..	15
4	Тема 1-3. Работа базами данных биологических текстов.	1. Обмен информацией с базами данных биологической информации. 2. Автоматический доступ к б.д.	15
<b>Раздел II. Алгоритмы поиска и обработки информации, содержащейся в биологических текстах</b>			<b>75</b>
5	Тема 2-1. Сравнение последовательностей.	1. Обзор алгоритмов сравнения последовательностей. 2. Локальное выравнивание 3. Глобальное выравнивание	15
6	Тема 2-2. Поиск гомологичных последовательностей.	1. Применение локального выравнивания для поиска гомологичных последовательностей 2. Алгоритм BLAST	15
7	Тема 2-3. Статистическая обработка биологических текстов.	1. Обзор статистических подходов к анализу последовательностей. 2. Алгоритмы кластеризации.	15
8	Тема 2-4. Анализ и предсказание функциональной активности.	1. Инструменты предсказания активности. 2. Поиск регуляторных мотивов.	15
9	Тема 2-5. Анализ и предсказание структуры биологических молекул.	1. Предсказание третичной структуры полипептидов 2. Анализ вторичной структуры РНК.	15
<b>ВСЕГО</b>			<b>124</b>

## 8. Форма промежуточной аттестации и фонд оценочных средств, включающий:

- Перечень компетенций выпускников образовательной программы, в формировании которых участвует дисциплина (модуль), и их «карты» (См. карты компетенций)
- Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения.

### Примерный перечень вопросов к зачёту по дисциплине (модулю):

1. Парное выравнивание. Виды, авторы алгоритмов, цели, значение. Глобальное выравнивание.
2. Вторичные структуры белков, их характеристики и предсказание. ПО и сервисы.
3. Локальное выравнивание. Цели, значение. Алгоритм локального выравнивания.
4. Биоинформатика. Объекты биоинформатики. Задачи, решаемые этой наукой. Методы биоинформатики.
5. Матрицы сравнения последовательностей. PAM, BLOSUM.
6. Основные алгоритмы построения филогенетических деревьев – их достоинства и недостатки. UPGMA и NJ (их отличия), максимальной бережливости (maximal parsimony), максимального правдоподобия, минимальной эволюции.
7. Группы аминокислот. Группировка аминокислот с эволюционной и структурной точек зрения.
8. Открытая рамка считывания. Её нахождение и транскрипция. Поиск открытых рамок считывания – методы.
9. Биоинформатика и филогенез. Молекулярные часы. Клада, OTU, ветвь, лист, корень. Ультраметрическое и неультраметрическое дерево. Ортологи, паралоги, гомологи, ксенологи.
10. Определение филы, таксона, вида. Филогенетические деревья видов и генов, их различия.
11. Какой тест может быть проведен на филогенетическом дереве, построенном по NJ алгоритму, чтобы высказать предположение о его корректности.
12. Редакционное расстояние между двумя последовательностями. Сложность наивного алгоритма его определения.
13. Локальное выравнивание, задачи, примеры.
14. Множественное выравнивание.
15. Третичная структура белка. Фолдинг.
16. Предсказание третичной структуры белка. Моделирование гомологов. Методы, ПО и сервисы.
17. Предсказание третичной структуры белка. Распознавание фолда. ПО, сервисы.

18. Динамическое программирование и выравнивание последовательностей. Способы оптимизации поиска – FASTA, BLAST.
19. Классификации белков. Базы данных Pfam, SCOPE, CATH, NCBI, ENTREZ и BLAST – назначение, инструменты, задачи.
20. Штрафы за вставку промежутка, схемы, различия.
21. Профиль и консенсус. Сходство и различия.
22. Выравнивание и его статистическая достоверность. Bootstrap.
23. Докинг – цель и задачи. Трудности.
24. Жёсткий докинг. Методы, применение.
25. Гибкий докинг.
26. Экспериментальное определение структур белка. Рентгено-структурный анализ.
27. Экспериментальное определение структур белка. Ядерно-магнитный резонанс.
28. Экспериментальное определение структуры белка. Оценка качества полученной структуры.
29. Hamming distance и Edit distance – отличия.
30. Метод GOR и Chou-Fasman. Их применение.
31. Интерпретация результатов выравнивания – Score, E-value. Проверка достоверности полученного выравнивания.
32. BLAST. Алгоритм поиска оптимального выравнивания. Состав BLAST на NCBI.
33. Почему динамическое программирование используется для парного выравнивания и практически не применяется для выравнивания нескольких последовательностей (MSA)?
34. Штрафы за вставку промежутков. Аффинные и линейные штрафы, их сравнение и влияние на выравнивание.
35. Что может сказать об эволюционном процессе организмов свойство ультраметричности построенного для них дерева (при условии его истинности)?
36. Свойство аддитивности филогенетического дерева. Его определение.
37. Алгоритм BLAST поиска последовательностей в банках данных. Известные программные реализации алгоритма BLAST. Организация программного интерфейса NCBI BLAST.
38. Оценка правдоподобия находок в алгоритме BLAST.
39. Методы определения матриц замен. Структура матрицы замен.
40. Парное выравнивание, оценка качества парного выравнивания. Эволюционный смысл парного выравнивания.
41. Множественное выравнивание. Сравнение 2-х профилей выравнивания. Программные реализации алгоритмов построения множественного выравнивания. Метод «прогрессивного» построения множественного выравнивания.
42. Алгоритм построения парного выравнивания Нидельмана-Вунша (Needleman-Wunsch).
43. Алгоритм построения парного выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman).
44. Представление Кластерных и филогенетических деревьев. Пакет программ для манипуляции с деревьями phylib. Newick формат представления деревьев.
45. Алгоритм UPGMA построения кластерных деревьев.

46. Алгоритм присоединения ближайшего соседа построения кластерных деревьев (Neighbor Joining).
47. Мировые банки данных и связи между ними.
48. Принцип организации GeneBank. Структура записи в GeneBank.
49. Принцип организации UniProt. Структура записи Swiss-Prot.
50. Назначение и организация банка EnsEMBL. Описание таблиц EnsEMBL, организация склейки генома.
51. Организация Web-интерфейса к геному в EnsEMBL.
52. Хранение пространственной структуры макромолекул. Банк данных PDB (Protein Databank). Структура записи PDB (структура .pdb файла).
53. Средства просмотра .pdb файлов, программа rasmol и её командный язык.

- Методические материалы, определяющие процедуру оценивания результатов обучения.

Обучение аспиранта заканчивается контролем в виде экзамена.

Оценка знаний аспиранта проводится по следующим критериям:

**Общее количество баллов**

Количество кредитов	Максимальная сумма баллов	Оценка						
		Неудовлетворит.		Удовлетворит.		Хорошо		Отлично
		Оценка ECTS						
		F (2)	FX (2+)	E (3)	D (3+)	C (4)	B (5)	A (5+)
6	216	менее 76	77-103	104-120	121-130	131-160	161-180	181-216

**Система оценок:**

<b>A</b>	<b>Отлично</b> - блестящие результаты с незначительными недочётами
<b>B</b>	<b>Очень хорошо</b> - выше среднего уровня, с некоторыми недочётами
<b>C</b>	<b>Хорошо</b> - в целом серьёзная работа, но с рядом замечаний
<b>D</b>	<b>Удовлетворительно</b> - неплохо, однако имеются серьёзные недочёты
<b>E</b>	<b>Посредственно</b> - результаты удовлетворяют минимальным требованиям (проходной балл)
<b>FX</b>	<b>Условно неудовлетворительно</b> - для присвоения кредита требуется выполнение некоторой дополнительной работы
<b>F</b>	<b>Безусловно неудовлетворительно</b> - требуется выполнение значительного объёма работы (либо повтор курса в установленном порядке, либо основание для отчисления)

Положительными оценками, при получении которых дисциплина засчитывается вам в качестве пройденной, являются оценки **A, B, C, D и E**.

*Если вы получили оценку **FX** по дисциплине, вы обязаны, после консультации с преподавателем, в течение 10 календарных дней следующего семестра/модуля успешно выполнить требуемый минимальный объём учебных работ, предусмотренных программой обучения, и представить результаты этих работ преподавателю. Если качество работ будет признано*

удовлетворительным, то итоговая оценка FX повышается до E и аспирант допускается к дальнейшему обучению.

В случае если качество учебных работ осталось неудовлетворительным, итоговая оценка снижается до F, то аспирант либо представляется к отчислению, либо можете прослушать в течение текущего семестра на договорной основе не зачтённый курс повторно (по решению деканата).

**В случае получения неудовлетворительной оценки F по дисциплине,** повторное прохождение рубежных аттестаций и выходного контроля не допускается, за исключением документально обоснованных случаев (болезнь и пр.).

### Балльная структура оценки и шкала оценок

Посещение занятий –  $14 * 2,0 + 7 * 3 + 7 * 4 = 77,0$  баллов

Активная работа при выполнении лабораторной работы и на семинарских занятиях –  $14 * 5 = 70,0$  баллов

Устный доклад на семинарских занятиях  $3 * 23 = 69,0$

**Всего – 108 баллов**

Максимальная сумма баллов:  $216 = 77 + 70 + 69$

**Формы промежуточной аттестации по дисциплине:** дифференцированный зачет.

### 9. Ресурсное обеспечение

#### 1 9.1 Перечень основной литературы

1. Рыбчин В.Н. **Биоинформатика**. Издательство СПбГТУ, 1999.
2. Артур М. Леск. Введение в биоинформатику. Бинوم. Лаборатория знаний; 2009 г.

#### 2 9.2 Перечень дополнительной литературы

1. Гасфилд Д. «Строки, деревья и последовательности в алгоритмах: Информатика и вычислительная биология».
2. Р. Дурбин, Ш. Эдди, А. Крог, Г. Матчисон «Анализ биологических последовательностей».

#### 3 9.3 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети Интернет

<http://plantgen.com/> – Кафедра генетики и биотехнологии

<http://molbiol.ru> – Интернет-портал по классической и молекулярной биологии

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - National Center for Biotechnology Information

[http://www.rusbiotech.ru/data\\_base/](http://www.rusbiotech.ru/data_base/) - База данных Русбиотех

<http://www.biotechnologie.de/> - Германская информационная платформа по биотехнологии

<http://rosalind.info/problems/locations/> - он-лайн система для обучения биоинформатике.

<http://molbio.ru> – База данных по аллелям полиморфных локусов ДНК

#### **9.4 Описание материально-технической базы.**

Для реализации программы подготовки по дисциплине (модулю) «Биоинформатика» перечень материально-технического обеспечения включает:

1. аудитории с мультимедийным оборудованием, компьютерами и выходом в сеть интерн.

##### **9.4.1 Требования к аудиториям (помещениям, местам) для проведения занятий**

Для проведения теоретических занятий по дисциплине (модулю) «Биоинформатика» необходимо иметь аудитории оснащенные мультимедийными установками и компьютерной техникой, которая должна быть подключена к сети «Интернет» для обеспечения доступа в электронную информационно-образовательную среду университета и других организаций.

#### **10. Методические рекомендации аспирантам по освоению дисциплины (модуля)**

Самостоятельная работа аспирантов над дисциплиной Б1.В.ДВ.1 «Биоинформатика» (заключается в систематической работе с учебными пособиями и конспектом лекций, подготовке к лабораторно-практическим занятиям и семинарам. При выполнении тестовых задач необходимо проработать все предлагаемые тесты. Все сложные вопросы по теории и практике разбираются на семинарских занятиях. Для плохо успевающих аспирантов необходимо организовывать консультации.

#### **11. Методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине (модулю)**

В процессе слушания лекций необходимо для аспирантов создавать резерв времени. Неумение слушать лекции приводит к тому, что у аспиранта создаются «авральные» периоды умственного труда, особенно перед зачетом или экзаменом. Аспиранту надо учиться думать над конспектами уже на лекции и работать над записями ежедневно хотя бы в течение двух часов. Рекомендуются делить конспект на две рубрики: в первую записывать кратко

изложение лекции, во вторую – то, над чем надо подумать; сюда нужно заносить узловые, главные вопросы.

1. Аспиранту необходимо ежедневно читать учебную и научную литературу по изучаемой дисциплине и по теме исследований. Читать внимательно и вдумчиво ежедневно 10–15 страниц научной и научно-популярной литературы.


2. Аспиранту необходимо умело найти по главным научным проблемам фундаментальные книги, научные труды, а также первоисточники.

3. Необходимо аспиранту создавать себе внутренние стимулы, которые направлены на достижение поставленной цели. Самое интересное всегда желательно оставлять на конец работы.

4. Для каждой работы аспиранту необходимо искать наиболее рациональные приёмы умственного труда, избегать трафарета и шаблона. Необходимо находить время на то, чтобы глубоко осмыслить сущность фактов, явлений, закономерностей, с которыми имеее дело. Чем глубже аспирант вдумывается, тем прочнее у него остается в памяти новый материал. Аспирант не должен стараться запомнить – это будет напрасная трата времени.

**Автор рабочей программы:**

Доктор биологических наук, профессор  
Голденкова-Павлова И.В.



---

## РЕЦЕНЗИЯ

**на рабочую программу по дисциплине (модулю) «Биоинформатика»  
ОПОП ВО по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки  
по программам аспирантуры 03.01.06 – биотехнология (в том числе  
бионанотехнологии) и 03.02.07 - генетика  
(уровень подготовки кадров высшей квалификации)**

Таракановым Иваном Германовичем, доктором биологических наук, профессором, заведующим кафедрой физиологии растений ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева (далее по тексту рецензент), проведена рецензия рабочей программы по дисциплине (модулю) «Биоинформатика» ОПОП ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки, по программам аспирантуры 03.01.06 – биотехнология (в том числе бионанотехнологии) и 03.02.07 - генетика, разработанной в ФГБОУ ВО «Российский аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», на кафедре генетики, биотехнологии, селекции и семеноводства (разработчик – Голденкова-Павлова Ирина Васильевна, доктор биологических наук, профессор).

Рассмотрев представленные на рецензию материалы, рецензент пришел к следующим выводам:

1. Предъявленная рабочая программа учебной дисциплины «Биоинформатика» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки, утвержденного приказом Министерства образования и науки Российской Федерации от 30.07.2014 № 871 и зарегистрированного в Минюсте России 20.08.2014 № 33686.
2. Рабочая программа содержит все основные разделы, соответствует требованиям к нормативно-методическим документам, предъявляемых к рабочей программе дисциплины/практики в соответствии с Письмом Рособрнадзора от 17.04.2006 № 02-55-77ин/ак.
3. Представленная в Рабочей программе актуальность учебной дисциплины в рамках реализации ОПОП ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) не подлежит сомнению – дисциплина относится к вариативной части учебного цикла Блок 1 «Дисциплины (модули)»
4. Представленные в Рабочей программе цели учебной дисциплины соответствуют требованиям ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) направления подготовки 06.06.01 – биологические науки с учётом профессиональных стандартов: «Преподаватель», «Научный работник», рекомендуемых для всех направлений подготовки.
5. В соответствии с Рабочей программой за дисциплиной «Биоинформатика» закреплено 9 универсальных/обще-профессиональных/профессиональных компетенций, которые реализуются в объявленных требованиях.
6. Результаты обучения, представленные в Рабочей программе в категориях знать, уметь, владеть соответствуют специфике и содержанию дисциплины и демонстрируют возможность получения заявленных результатов.
7. Содержание учебной дисциплины, представленной Рабочей программы, соответствует рекомендациям примерной рабочей программы дисциплины, рекомендуемой при реализации ФГОС ВО по направлениям подготовки в аспирантуре.
8. Общая трудоёмкость дисциплины «Биоинформатика» составляет 6 зачётных единицы (216 часа), что соответствует ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) для направления подготовки 06.06.01 – биологические науки.
9. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Учебная



дисциплина «Биоинформатика» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) и Учебного плана по направлению подготовки 06.06.01 – биологические науки и возможность дублирования в содержании отсутствует.

10. Представленная Рабочая программа предполагает использование современных образовательных технологий, используемые при реализации различных видов учебной работы. Формы образовательных технологий соответствуют специфике дисциплины.

11. Виды, содержание и трудоёмкость самостоятельной работы аспирантов, представленные в Рабочей программе, соответствуют требованиям к подготовке выпускников, содержащимся во ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) направления подготовки 06.06.01 – биологические науки.

12. Представленные и описанные в Рабочей программе формы текущей оценки знаний соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

Форма промежуточного контроля знаний аспирантов, предусмотренная Рабочей программой, осуществляется в форме кандидатского экзамена, что соответствует примерной рабочей программе дисциплины, рекомендуемой для всех направлений подготовки, а также статусу дисциплины, как дисциплины вариативной части учебного цикла Блока 1 «Дисциплины (модули)» ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) направления подготовки 06.06.01 – биологические науки.

13. Формы оценки знаний, представленные в Рабочей программе, соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

14. Учебно-методическое обеспечение дисциплины представлено: основной литературой – 4 источника, дополнительной литературой – 7 наименований, Интернет-ресурсы – 4 источника и соответствует требованиям ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) направления подготовки 06.06.01 – биологические науки.

15. Материально-техническое обеспечение соответствует специфике дисциплины «Биоинформатика» и обеспечивает использование современных образовательных, в том числе интерактивных методов обучения.

16. Методические рекомендации аспирантам и методические рекомендации преподавателям дают представление о специфике обучения по дисциплине Биоинформатика и соответствуют требованиям Письма Рособнадзора от 17.04.2006 N 02-55-77ин/ак.

### ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Биоинформатика» ОПОП ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации) по направлению 06.06.01 – биологические науки, по программам аспирантуры 03.01.06 – биотехнология (в том числе бионанотехнологии) и 03.02.07 - генетика, разработанная д.б.н., профессором И.В. Голденковой-Павловой соответствует требованиям ФГОС ВО (уровень подготовки кадров высшей квалификации), современным требованиям экономики, рынка труда, профессиональных стандартов «Преподаватель» и «Научный работник», позволит при её реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Тараканов И.Г. д.б.н., профессор, заведующий кафедрой физиологии растений  
РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева

« 28 » 01 2017г.