МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова» Министерства здравоохранения Российской Федерации ФГАОУ ВО РНИМУ им Н.И.Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)

Институт нейронаук и нейротехнологий

УТВЕРЖДЕНО

Директор

Белоусов Всеволод Вадимович

Доктор биологических наук,
Член-корреспондент
Российской академии наук

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Б.1.О.02 Биотехнические системы и технологии
для образовательной программы высшего образования - программы магистратуры
по направлению подготовки
12.04.04 Биотехнические системы и технологии
направленность (профиль)
Инженерные нейротехнологии
Год набора - 2026

Подписан: ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ " РОССИЙСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ Н.И. ПИРОГОВА" МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Москва

Настоящая рабочая программа дисциплины Б.1.О.02 Биотехнические системы и технологии (далее – рабочая программа дисциплины) является частью программы магистратуры по направлению подготовки 12.04.04 Биотехнические системы и технологии.

Направленность (профиль): Инженерные нейротехнологии.

Форма обучения: очная.

Составители:

№, п/п	Фамилия, Имя, Отчество	Учёная степень, звание	Должность	Место работы
1	Лагунин Алексей Александрович	д-р биол. наук, профессор РАН	зав. кафедрой биоинформатики Института биомедицины (МБФ)	ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)
2	Райлян Юлия		старший преподаватель кафедры биоинформатики Института биомедицины (МБФ)	ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)

Рабочая программа дисциплины рекомендована к утверждению рецензентами:

№ п/п	Фамилия, Имя, Отчество	Учёная степень, звание	Должность	Место работы
1	Кузиков Алексей Владимирович	докт. биол. наук, доцент	зав. кафедрой биохимии Института биомедицины (МБФ)	ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена на заседании кафедры

«Кафедра биоинформатики МБФ»
протокол от 29.10.2025 № 3

Зав. кафедрой
Лагунин Алексей
Александрович
Доктор биологических наук

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена ученым советом

«Института нейронаук и нейротехнологий »
протокол от 15.01.2026 № 1

Директор
Белоусов Всеволод Вадимович
Доктор биологических наук,
Член-корреспондент
Российской академии наук

Нормативно-правовые основы разработки и реализации рабочей программы дисциплины:

1. Федеральный государственный образовательный стандарт высшего образования - магистратура по направлению подготовки 12.04.04 Биотехнические системы и технологии от 19.09.2017 № 936
2. Устав и локальные нормативные акты Университета.
3. Общая характеристика образовательной программы.
4. Учебный план образовательной программы.

© федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова» Министерства здравоохранения Российской Федерации

1. Общие положения

1.1. Цель и задачи освоения дисциплины

1.1.1. Цель: Получение студентами основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики, о приложении методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач, в том числе, анализа сходства аминокислотных и нуклеотидных последовательностей, компьютерного моделирования и визуализации трёхмерных структур белков, анализ транскриптомных и геномных данных, что позволит в будущим молодым специалистам быстрее и эффективнее включиться в научно-исследовательскую работу, а также использовать результаты современных постгеномных технологий в диагностике и персонализированном лечении пациентов

1.1.2. Задачи, решаемые в ходе освоения дисциплины:

- Изучение и формирование навыков работы с крупнейшими международными интернет ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL, UniProt).
- Изучение основных понятий и формирование базовых навыков работы с результатами транскриптомных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения
- Получение основных навыков по визуализации и моделированию трехмерных структур белков
- Формирование базовых навыков использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, эффективной диагностики и персонализированного лечения пациентов
- Формирование системных знаний по биоинформатике, связанных с анализом нуклеотидных и аминокислотных последовательностей

1.2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина «Биотехнические системы и технологии» изучается в 1 семестре(ах) и относится к обязательной части Блока Б.1 «Дисциплины». Является обязательной дисциплиной.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 4.0 з.е.

Для успешного освоения настоящей дисциплины обучающиеся должны освоить освоить в рамках среднего полного общего образования, следующие дисциплины и практики: Иностранный язык; Математика; Информатика; Общая биохимия.

1.3. Планируемые результаты освоения дисциплины

1 семестр

Код и наименование компетенции	
Код и наименование индикатора достижения компетенции	**Планируемые результаты освоения дисциплины**
ОПК-3 Способен приобретать и использовать новые знания в своей предметной области на основе информационных систем и технологий, предлагать новые идеи и подходы к решению инженерных задач	
ОПК-3.ИД1 Применяет современные знания в информационных технологиях, связанных с биотехническими и мехатронными технологиями и созданием лабораторного оборудования для биологических, биомедицинских и физиологических исследований	**Знать:** Основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике
	Уметь: Применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
ОПК-3.ИД2 Применяет информационные технологии в профессиональной деятельности	**Знать:** Современные информационные технологии используемые в биоинформатике
	Уметь: Проводить анализ биоинформатических данных с использованием современных компьютерных технологий.
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Анализа биоинформатических данных с использованием современных информационных технологий
ОПК-3.ИД3 Предлагает новые идеи, подходы к решению современных инженерных задач в сфере создания и модификации лабораторного оборудования для биологических, биомедицинских и физиологических исследований, а также биотехнических и мехатронных систем	**Знать:** Основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике
	Уметь: Применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
ОПК-3.ИД4 Применяет основные фундаментальные математические, физико-химические и биологические знания для решения профессиональных задач, используя информационные технологии	**Знать:** Современные компьютерные технологии, используемые в биоинформатике для решения профессиональных задач
	Уметь: Проводить анализ биоинформатических данных с использованием современных компьютерных технологий для решения профессиональных задач
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Анализа биоинформатических данных с использованием современных компьютерных технологий для решения профессиональных задач
УК-1 Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий	
УК-1.ИД1 Анализирует проблемную ситуацию как систему, выявляя ее составляющие и связи между ними	**Знать:** Базы данных о последовательностях ДНК, РНК и белка и понимать связь между этими данными
	Уметь: Уметь проводить поиск последовательностей ДНК, РНК и белка, и устанавливать связь между ними
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Проведения поиска информации о генах, транскриптах и белках, и устанавливать связь между ними
УК-1.ИД2 Определяет пробелы в информации, необходимой для решения проблемной ситуации, и проектирует процессы по их устранению	**Знать:** Способы представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.
	Уметь: Использовать интернет ресурсы и биоинформатические методы в биомедицинских исследованиях
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
УК-1.ИД3 Критически оценивает надежность источников информации, работает с противоречивой информацией из разных источников	**Знать:** Основные биоинформатические базы данных
	Уметь: Оценивать качество данных в биоинформатических базах данных
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Поиска и оценки качества данных в биоинформатических базах данных

Код и наименование компетенции	
Код и наименование индикатора достижения компетенции	**Планируемые результаты освоения дисциплины**
УК-1.ИД4 Разрабатывает и содержательно аргументирует стратегию решения проблемной ситуации на основе системного и междисциплинарного подходов	**Знать:** Основную догму молекулярной биологии и взаимоотношении генома, транскриптома и протеома
	Уметь: Использовать знания в области биоинформатики, статистики, генетики и молекулярной биологии для решения проблемных ситуаций на основе системного и междисциплинарного подхода
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Использования знаний в области биоинформатики, статистики, генетики и молекулярной биологии для решения проблемных ситуаций на основе системного и междисциплинарного подхода
УК-1.ИД5 Строит сценарии реализации стратегии, определяя возможные риски и предлагая пути их устранения	**Знать:** Основные понятия, подходы, информационные ресурсы и методы анализа данных, используемые в биоинформатике
	Уметь: Применять основные подходы, информационные ресурсы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): Анализа качества данных, использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач, определяя возможные риски и предлагая пути их устранения

2.Формы работы обучающихся, виды учебных занятий и их трудоёмкость

Формы работы обучающихся / Виды учебных занятий / Формы промежуточной аттестации		Всего часов	Распределение часов по семестрам
			1
Учебные занятия			
Контактная работа обучающихся с преподавателем в семестре (КРО), в т.ч.:		61	61
Специализированное занятие (СЗ)		39	39
Лекционное занятие (ЛЗ)		16	16
Коллоквиум (К)		6	6
Самостоятельная работа обучающихся в семестре (СРО), в т.ч.:		64	64
Подготовка к учебным аудиторным занятиям		64	64
Промежуточная аттестация:			
Контактная работа обучающихся в ходе промежуточной аттестации (КРПА), в т.ч.:		3	3
Зачет (З)*		3	3
Общая трудоемкость дисциплины (ОТД)	в часах: ОТД = КРО+СРО+КРПА+СРПА	128	128
	в зачетных единицах: ОТД (в часах): 32	4.00	4.00

* Время для проведения промежуточной аттестации в форме зачёта выделяется в рамках контактной работы (ДВЗ) Проведение промежуточной аттестации в форме зачёта организуется в соответствии с расписанием занятий.

3. Содержание дисциплины
3.1. Содержание разделов, тем дисциплины

1 семестр

№ п/п	Шифр компетенции	Наименование раздела, темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
Раздел 1. Введение в биоинформатику			
1	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 1. Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные изменения генной экспрессии) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных.
2	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 2. Работа с базами данных NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene)	Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar);
3	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 3. Базы данных UniProt, KEGG, GeneOntology и EMBL	Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG.
4	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 4. Геномный браузер UCSC	Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
Раздел 2. Парное и множественное выравнивание			
1	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 1. Принципы выравнивания последовательностей. Матрицы замен. Понятие гомологии. BLAST	Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана).
2	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 2. Тема: PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.	Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, TCoffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM

№ п/п	Шифр компетенции	Наименование раздела, темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
3	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 3. Парное выравнивание	Парное выравнивание. Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). BLAST (интерфейс, алгоритм).
4	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 4. Тема: BLAST, множественное выравнивание. Базы данных PROSITE и PFAM.	BLAST (интерфейс, алгоритм). Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, TCoffee
Раздел 3. Филогенетический анализ и молекулярная эволюция			
1	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 1. Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов.
2	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 2. Филогения. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.	Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.
Раздел 4. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов			
1	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 1. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.	Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов.
2	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 2. Анализ РНК и экспрессии генов	Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экс-прессии генов. Технология RNASeq. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов. БД EBI: Array Express и Expression Atlas. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо- экспрессируемых генов. Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей).
3	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 3. Анализ качества данных секвенирования.	Инструменты для анализа качества результатов секвенирования.
4	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 4. Сборка генома.	Инструменты для сборки и работы с геномом

№ п/п	Шифр компетенции	Наименование раздела, темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
5	УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4, УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4	Тема 5. Источники транскриптомных данных. Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов.	Источники транскриптомных данных. Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов.
6	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 6. Использование языка R для обработки результатов данных RNASeq.	Статистический анализ RNASeq данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.
Раздел 5. Структурная биоинформатика и протеомика			
1	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 1. Структурная биоинформатика	Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трех-мерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур.
2	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 2. Анализ белка, протеомика. Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt
3	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 3. Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol.	Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.
4	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 4. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller	Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller
5	УК-1.ИД1, УК-1.ИД2, УК-1.ИД3, УК-1.ИД4, УК-1.ИД5, ОПК-3.ИД1, ОПК-3.ИД2, ОПК-3.ИД3, ОПК-3.ИД4	Тема 5. Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape	Построение и анализ биологических сетей. Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.

3.2. Перечень разделов, тем дисциплины для самостоятельного изучения обучающимися

Разделы и темы дисциплины для самостоятельного изучения обучающимися в программе не предусмотрены.

4. Тематический план контактной работы обучающихся с преподавателем при проведении занятий

№ п/п	Виды учебных занятий*	Период обучения (семестр). Порядковые номера и наименования разделов (при наличии), тем, учебных занятий	Количество часов контактной работы	Виды текущего контроля успеваемости**	Формы проведения текущего контроля успеваемости***		
					КП	ОУ	РЗ
1	2	3	4	5	6	7	8
1 семестр							
Раздел 1. Введение в биоинформатику							
Тема 1. Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных							
1	ЛЗ	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	2	Д	1		
Тема 2. Работа с базами данных NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene)							
2	СЗ	Работа с базами данных NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene)	3	Т	1		1
Тема 3. Базы данных UniProt, KEGG, GeneOntology и EMBL							
3	СЗ	Базы данных UniProt, KEGG, GeneOntology и EMBL	3	Т	1		1
Тема 4. Геномный браузер UCSC							
4	СЗ	Геномный браузер UCSC	3	Т	1		1
Раздел 2. Парное и множественное выравнивание							
Тема 1. Принципы выравнивания последовательностей. Матрицы замен. Понятие гомологии. BLAST							
5	ЛЗ	Принципы выравнивания последовательностей. Матрицы замен. Понятие гомологии. BLAST	2	Д	1		
Тема 2. Тема: PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.							
6	ЛЗ	Тема: PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.	2	Д	1		
Тема 3. Парное выравнивание							
7	СЗ	Парное выравнивание	3	Т	1		1
Тема 4. Тема: BLAST, множественное выравнивание. Базы данных PROSITE и PFAM.							
8	СЗ	Тема: BLAST, множественное выравнивание. Базы данных PROSITE и PFAM.	3	Т	1		1
Раздел 3. Филогенетический анализ и молекулярная эволюция							
Тема 1. Филогенетический анализ и молекулярная эволюция							
9	ЛЗ	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	2	Д	1		
Тема 2. Филогения. MEGA –программа для филогенетического анализа последовательностей.							
10	СЗ	Филогения. MEGA –программа для филогенетического анализа последовательностей.	3	Т	1		1
11	К	Коллоквиум по разделам 1-3	3	Р	1	1	
Раздел 4. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов							
Тема 1. NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.							
12	ЛЗ	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.	2	Д	1		
Тема 2. Анализ РНК и экспрессии генов							
13	ЛЗ	Анализ РНК и экспрессии генов	2	Д	1		
Тема 3. Анализ качества данных секвенирования.							
14	СЗ	Анализ качества данных секвенирования.	3	Т	1		1
Тема 4. Сборка генома.							
15	СЗ	Сборка генома.	3	Т	1		1
Тема 5. Источники транскриптомных данных. Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов.							
16	СЗ	Источники транскриптомных данных. Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов.	3	Т	1		1
Тема 6. Использование языка R для обработки результатов данных RNASeq.							
17	СЗ	Использование языка R для обработки результатов данных RNASeq.	3	Т	1		1
Раздел 5. Структурная биоинформатика и протеомика							

№ п/п	Виды учебных занятий*	Период обучения (семестр). Порядковые номера и наименования разделов (при наличии), тем, учебных занятий	Количество часов контактной работы	Виды текущего контроля успеваемости**	Формы проведения текущего контроля успеваемости***		
					КП	ОУ	РЗ
1	2	3	4	5	6	7	8
Тема 1. Структурная биоинформатика							
18	ЛЗ	Структурная биоинформатика	2	Д	1		
Тема 2. Анализ белка, протеомика. Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.							
19	ЛЗ	Анализ белка, протеомика. Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	2	Д	1		
Тема 3. Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol.							
20	СЗ	Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol.	3	Т	1		1
Тема 4. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller							
21	СЗ	Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller	3	Т	1		1
Тема 5. Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape							
22	СЗ	Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape	3	Т	1		1
23	К	Коллоквиум по разделам 4-5	3	Р	1	1	
		Всего в семестре	61		23	2	13
24	З	Зачет	3	ПА	1		1
		Всего по дисциплине	61		23	2	13

(*, **, *** смотри условные обозначения)

Условные обозначения

Виды учебных занятий*

Виды учебных занятий	Сокращённое наименование	
Лекционное занятие	Лекция	ЛЗ
Специализированное занятие	Специализированное	СЗ
Коллоквиум	Коллоквиум	К

Виды текущего контроля успеваемости (ВТК)**

Виды текущего контроля успеваемости (ВТК)	Сокращённое наименование		Содержание
Текущий дисциплинирующий контроль	Дисциплинирующий	Д	Контроль посещаемости занятий обучающимся
Текущий тематический контроль	Тематический	Т	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности по теме занятия
Текущий рубежный контроль	Рубежный	Р	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности по теме (разделу, модулю) дисциплины

Формы проведения текущего контроля успеваемости обучающихся ***

№	Формы проведения текущего контроля успеваемости обучающихся (ФПТКУ)	Техническое и сокращённое наименование		Возможность проведения текущего контроля успеваемости по видам контроля		
				Д	Т	Р
1	Контроль присутствия	Присутствие	КП	+		
2	Опрос устный	Опрос устный	ОУ			+
3	Решение практической (ситуационной) задачи	Практическая задача	РЗ		+	

5. Промежуточная аттестация обучающихся по дисциплине
Оценочные средства промежуточной аттестации

5.1. Формы промежуточной аттестации

Семестр	Форма промежуточной аттестации****	Форма проведения промежуточной аттестации
1	2	3
1 семестр	Зачет	Контроль присутствия, Решение практической (ситуационной) задачи

Условные обозначения ****

Формы промежуточной аттестации	Сокращённое наименование	
Зачет	Зачет	З

5.2 Критерии выставления оценок

Критерии выставления оценок при прохождении промежуточной аттестации в форме зачета

1 семестр

Шкала оценивания	Критерии выставления оценок
«зачтено»	Студент: - умеет применять полученные знания при решении практических (ситуационных) задач, но допускает незначительные ошибки; выполнил задания, предусмотренные билетом; - дает не полный, недостаточно аргументированный ответ; - делает правильные обобщения и выводы по отдельным вопросам; - демонстрирует усвоение программного материала (в ходе ответа в основных чертах раскрывает сущность понятий, явлений, принципов, законов, закономерностей, теорий), но испытывает затруднения при его самостоятельном воспроизведении, требует дополнительных и уточняющих вопросов преподавателя; - допускает ошибки при воспроизведении знаний; - на дополнительные ответы по программному материалу отвечает с трудом; Допускаются ошибки и неточности в содержании ответа, которые исправляются обучающимся с помощью наводящих вопросов преподавателя.
«не зачтено»	Студент: - не умеет применять теоретические знания при решении практических (ситуационных) задач и не выполнил задания, предусмотренные билетом; или: - отказывается от ответа; или: - во время подготовки к ответу и самого ответа использует несанкционированные источники информации и/или технические средства. - допускает существенные ошибки и не корректирует ответ после дополнительных и уточняющих вопросов преподавателя; - не отвечает на дополнительные вопросы; - демонстрирует разрозненные знания программного материала (в ходе ответа фрагментарно и нелогично излагает сущность понятий, явлений, принципов, законов, закономерностей, теорий), не использует или слабо использует научную терминологию).

6. Структура рейтинга по дисциплине

6.1. Обучающийся имеет право пройти промежуточную аттестацию по дисциплине или её части на основании рейтинга успеваемости обучающегося и результатов прохождения текущего рубежного контроля по дисциплине в соответствующем семестре.

6.2. Критерии, показатели проведения текущего контроля успеваемости с использованием балльно-рейтинговой системы (по семестрам и формам промежуточной аттестации)

Рейтинг по дисциплине рассчитывается по результатам текущей успеваемости обучающегося. Тип контроля по всем формам контроля дифференцированный, выставляются оценки по шкале: "неудовлетворительно", "удовлетворительно", "хорошо", "отлично". Исходя из соотношения и количества контролей, рассчитываются рейтинговые баллы, соответствующие системе дифференцированного контроля.

1 семестр

Виды занятий		Формы проведения текущего контроля успеваемости		Кол-во контролей	Макс. кол-во баллов	Соответствие оценок рейтинговым баллам				
						ТК	ВТК	Отл.	Хор.	Удовл.
Специализированное занятие	СЗ	Решение практической (ситуационной) задачи	РЗ	13	312	В	Т	24	16	8
Коллоквиум	К	Опрос устный	ОУ	2	702	В	Р	351	234	117
Сумма баллов по дисциплине за семестр					1014					

Критерии выставления оценок при прохождении промежуточной аттестации в форме зачета (на основании рейтинга успеваемости обучающегося и результатов прохождения текущего рубежного контроля по дисциплине (модулю) или её части в семестре)

1 семестр

Шкала оценивания	Критерии выставления оценки
«зачтено»	Рейтинговый балл — не менее 60 % (не менее 600 баллов) и Получение оценки не ниже «удовлетворительно» за прохождение каждого текущего рубежного контроля в семестре
«не зачтено»	Рейтинговый балл — менее 60 % (менее 600 баллов) и/или Получение оценки ниже «удовлетворительно» за прохождение хотя бы одного текущего рубежного контроля в семестре или не прохождение рубежного контроля

7. Оценочные материалы для проведения промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине

1 семестр

Перечень вопросов для подготовки к промежуточной аттестации в форме зачёта

1. Биологические базы данных: принцип организации, содержание, примеры. Сущность и роль референсных геномов. Референсный геном человека.

2. Геномные браузеры. Возможности поиска, подключения и отображения информации на примере браузера UCSC.

3. Генетические варианты. Базы данных генетических вариантов. Классификация генетических вариантов по типу, молекулярным и клиническим последствиям.

4. Понятие гомологии. Выравнивание биологических последовательностей: принцип, алгоритмы, практическое значение.

5. Выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Матрицы замен BLOSUM и PAM.

6. Множественное выравнивание биологических последовательностей. Методы, значение и практическое применение множественного выравнивания.

7. Множественное выравнивание биологических последовательностей. Домены и профили белковых структур. Скрытые Марковские модели.

8. Семейство алгоритмов BLAST: принцип работы, входные параметры, оценка результатов.

9. PSI-BLAST: значение, отличия от BLAST, преимущества и недостатки.

10. Понятие молекулярной филогенетики. Филогенетические деревья. Компоненты и структура филогенетического дерева. Концепция молекулярных часов. Программы для построения филогенетических деревьев.

11. Понятие молекулярной филогенетики. Алгоритмы построения и оценки филогенетических деревьев

12. Секвенирование по Сенгеру. Плюсы и минусы.

13. Методы секвенирования нового поколения. Плюсы и минусы.

14. Основные принципы подготовки ДНК библиотек. Индексирование (баркодирование).

15. Основные современные платформы секвенирования нового поколения. Их сравнение.

16. Rosh 454. Пиросеквенирование. Ion Torrent. Полупроводниковое секвенирование.

17. Illumina. Секвенирование синтезом.

18. Pacific Biosciences. Одномолекулярное секвенирование в реальном времени.

19. Контроль качества данных секвенирования. FASTQ формат. Шкала качества Фред (Phred). FastQC – инструмент для контроля качества данных.

20. Препроцессинг данных секвенирования.

21. Сборка генома. Оценка качества сборки генома

22. Базы данных геномов: GOLD, NCBI Genome, NCBI SRA

23. Некодирующие РНК. Малые некодирующие РНК.

24. тРНК. Предсказание структуры и функции.

25. База данных Rfam.

26. Изменение экспрессии генов. Цели исследований.

27. Измерения дифференциальной экспрессии генов с использованием микрочипов.

28. RNA-Seq

29. Предварительная обработка (препроцессинг) данных.Нормализация данных

30. Использование t критерия Стьюдента в дифференциальной генной экспрессии.

31. Поправка на множественное сравнение.

32. Использование ANOVA в дифференциальной генной экспрессии.

33. Principal components analysis (PCA)

34. Диаграммы рассеивания.

35. Методы кластеризации в дифференциальной генной экспрессии.

36. Базы данных с результатами исследований дифференциальной генной экспрессии.

37. Моделирование трехмерной структуры белка.

38. Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур.

39. Что такое биологические сети. Сигнальные сети, сигнальные пути. Базы данных по сигнальным и метаболическим путям.

40. Сети белок-белковых взаимодействий. Подходы к оценке белок-белковых взаимодействий.

41. Базы данных по связи белков/генов с заболеваниями.

42. Анализ топологии биологических сетей. «Мастер-регуляторы» в биологической сети.

43. Мотивы и графлеты биологических сетей. Модули в биологических сетях.

44. Оценка связи белка (гена) с заболеванием.

45. Предсказание маркеров заболеваний.

46. Свойства белков-«хабов».

47. Сети ко-экспрессии.

48. Моделирование динамики биологических сетей.

49. Средства для визуализации и анализа биологических сетей.

50. Протеомика. Алгоритм протеомного исследования. Протеотипические пептиды.

51. Polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE). Физические свойства белков используемые для идентификации положения белка в 2D электрофорезе.

52. Масс-спектрометрия.

53. Основные протеомные базы данных

Образец билета для проведения зачета

ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)

Кафедра биоинформатики МБФ

Билет №____

для проведения зачета по дисциплине «Биотехнические системы и технологии» по программе магистратуры по направлению подготовки 12.04.04 Биотехнические системы и технологии
направленность (профиль) Инженерные нейротехнологии

1. Множественное выравнивание биологических последовательностей. Методы, значение и практическое применение множественного выравнивания

2. Основные протеомные базы данных
3. Свойства белков-«хабов».
4. Измерения дифференциальной экспрессии генов с использованием микрочипов.

Кафедра биоинформатики МБФ

Заведующий кафедрой
Лагунин Алексей Александрович
Доктор биологических наук

8. Методические указания обучающимся по освоению дисциплины

Методические указания для подготовки к занятиям лекционного типа

внимательно прочитать материал предыдущей лекции;

ознакомиться с учебным материалом по учебнику, учебным пособиям, а также электронным образовательным ресурсам с темой прочитанной лекции;

внести дополнения к полученным ранее знаниям по теме лекции на полях лекционной тетради;

записать возможные вопросы, которые следует задать преподавателю по материалу изученной лекции.

Методические указания для подготовки к занятиям специализированного типа

внимательно изучить теоретический материал по конспекту лекции, учебникам, учебным пособиям, а также электронным образовательным ресурсам

Методические указания для подготовки к коллоквиуму (текущий рубежный контроль)

Для подготовки к текущему рубежному (модульному) контролю обучающемуся следует изучить учебный материал по наиболее значимым темам и (или) разделам дисциплины в семестре

Методические указания для подготовки к зачету

1. Ознакомиться с примером билета, выносимого на промежуточную аттестацию в форме зачета;
2. Ознакомится с тестовыми заданиями в личном кабинете студента;
3. Проанализировать материал и наметить последовательность его повторения;
4. Определить наиболее простые и сложные темы и (или) разделы дисциплины;
5. Повторить материал по наиболее значимым/сложным темам и (или) разделам дисциплины по конспектам лекций и учебной литературе, а также электронным образовательным ресурсам.

9. Учебно-методическое, информационное и материально-техническое обеспечение дисциплины

9.1. Перечень литературы по дисциплине:

№ п/п	Наименование, автор, год и место издания	Рекомендуется при изучении разделов дисциплины	Количество экземпляров в библиотеке	Электронный адрес ресурса
1	2	3	4	5
1	Молекулярное моделирование: теория и практика, Хёльтье Х.-Д., 2020	Структурная биоинформатика и протеомика	0	https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785001017240.html
2	Введение в биоинформатику: [учебник для вузов], Леск А. М., 2015	Введение в биоинформатику NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов Филогенетический анализ и молекулярная эволюция Структурная биоинформатика и протеомика Парное и множественное выравнивание	28	

9.2. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», в том числе профессиональных баз данных, необходимых для освоения дисциплины

1. OMIM
2. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/
3. Научная электронная библиотека PubMed https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/
4. https://www.kegg.jp/
5. UniProt
6. Консультант студента https://www.studentlibrary.ru/
7. Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU https://elibrary.ru/
8. http://mon.gov.ru – сайт Минобрнауки РФ
9. Молекулярное моделирование [Электронный ресурс] : теория и практика : пер. с англ. / Х. -Д. Хельтье [и др.]. – 3-е изд. (эл.). – Москва: БИНОМ. Лаб. знаний, 2020. – 322 с.
10. http://www.bioconductor.org/ (Bioconductor – архив пакетов R, предназначенных для анализа молекулярно-биологических данных)

9.3. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине, включая перечень программного обеспечения и информационных справочных систем (при наличии)

1. MS Windows в редакциях: 7 Pro, 10 Pro, 11 Pro (x86, x64) – лицензия бессрочно
2. MS Office в редакциях: «Standard», «Professional Plus» (2013, 2016, 2019, 2021(x86, x64)) – лицензия бессрочно
3. MS Visio в редакциях: «Professional» (2013, 2016, 2019, 2021(x86, x64)) – лицензия бессрочно
4. Astra Linux Special Edition, вариант лицензирования «Орел», РУСБ.10015-10 – лицензия бессрочно
5. Adobe Acrobat Reader – свободно распространяемое ПО
6. Гарант (справочная правовая система) – лицензия до 31.07.2027
7. FastStone Image Viewer – свободно распространяемое ПО
8. Яндекс Браузер для организаций – свободно распространяемое ПО
9. Платформа «1С:Предприятие 8», конфигурации «1С:Документооборот государственного учреждения», «1С:Университет ПРОФ», «1С:Медицина» – лицензия бессрочно
10. МТС Линк платформа для проведения вебинаров – лицензия до 04.07.2027 г.
11. Антивирус Kaspersky endpoint Security – лицензия до 19.09.2027 г.
12. Архиватор 7-Zip – свободно распространяемое ПО
13. Платформа «Kinescope» - лицензия до 11.03.2027 г.
14. Система управления обучением (LMS) – лицензия бессрочная
15. Ubuntu – свободно распространяемое ПО (ОС с открытым исходным кодом)
16. Debian – свободно распространяемое ПО (ОС с открытым исходным кодом)
17. Электронная информационно-образовательная среда РНИМУ им. Н. И. Пирогова

18. R Studio
19. Java
20. Автоматизированная образовательная среда университета
21. Балльно-рейтинговая система контроля качества освоения образовательной программы в автоматизированной образовательной системе университета.
22. Adobe Reader, get/adobe.com/ru/reader/otherversions, (32 шт.), срок действия лицензии: бессрочно
23. MS Office в редакциях: «Standard», «Professional Plus» (2013, 2016, 2019, 2021(x86, x64)) – лицензия бессрочно

9.4. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Каждый обучающийся в течение всего периода обучения обеспечен индивидуальным неограниченным доступом к электронной информационно-образовательной среде университета из любой точки, в которой имеется доступ к информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» (далее - сеть «Интернет»), как на территории Университета, так и вне ее.

Электронная информационно-образовательная среда университета обеспечивает:

- доступ к учебному плану, рабочей программе дисциплины, электронным учебным изданиям и электронным образовательным ресурсам, указанным в рабочей программе дисциплины;
- формирование электронного портфолио обучающегося, в том числе сохранение его работ и оценок за эти работы.

Университет располагает следующими видами помещений и оборудования для материально-технического обеспечения образовательной деятельности для реализации образовательной программы дисциплины:

№ п/п	Наименование оборудованных учебных аудиторий	Перечень специализированной мебели, технических средств обучения
1	Аудитория для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оборудованная мультимедийными и иными средствами обучения	Столы , Экран для проектора , Проектор мультимедийный , Компьютер персональный , Стулья
2	Аудитория, оборудованная мультимедийными и иными средствами обучения	Компьютерный стол , Компьютерная техника с возможностью подключения к сети “Интернет” , Электрические розетки и подсетка на каждом столе , Стулья , Компьютеры для обучающихся , Компьютер персональный , Возможность подключения к сети «Интернет» и обеспечения доступа в электронную информационно-образовательную среду , Проектор мультимедийный , Экран для проектора , Столы
3	Помещение для самостоятельной работы обучающихся, оснащенное компьютерной техникой с возможностью подключения к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации	Учебная мебель (столы, стулья), компьютерная техника с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду
4	Учебная аудитория для проведения промежуточной аттестации	Учебная мебель (столы и стулья для обучающихся), стол, стул преподавателя, персональный компьютер; набор демонстрационного оборудования (проектор, экран, колонки)

Университет обеспечен необходимым комплектом лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения (состав определяется в рабочей программе дисциплины и подлежит обновлению при необходимости). Библиотечный фонд укомплектован печатными изданиями из расчета не менее 0,25 экземпляра каждого из изданий, указанных в рабочей программе дисциплины, на одного обучающегося из числа лиц, одновременно осваивающих соответствующую дисциплину.

Обучающимся обеспечен доступ (удаленный доступ), в том числе в случае применения электронного обучения, дистанционных образовательных технологий, к современным профессиональным базам данных и информационным справочным системам, состав которых определяется в рабочей программе дисциплины и подлежит обновлению (при необходимости).

Обучающиеся из числа инвалидов обеспечены печатными и (или) электронными образовательными ресурсами в формах, адаптированных к ограничениям их здоровья.