

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 биомедицины (МБФ)

УТВЕРЖДАЮ

Директор Института

Прохорчук Егор Борисович

**Доктор биологических наук,
Член-корреспондент
Российской академии наук**

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

**Б.1.О.02 Биоинформатика
для образовательной программы высшего образования - программы специалитета
по специальности
30.05.01 Медицинская биохимия
направленность (профиль)
Медицинская биохимия
Год начала подготовки - 2023**

Настоящая рабочая программа дисциплины Б.1.О.02 Биоинформатика (далее – рабочая программа дисциплины) является частью программы специалитета по специальности 30.05.01 Медицинская биохимия.

Направленность (профиль): Медицинская биохимия.

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 Валерьевна		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	канд. биол. наук, доцент	и.о. заведующего 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 «___» _____ № _____

Зав. кафедрой

Лагунин Алексей

Александрович

Доктор биологических наук

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена ученым советом

Директор Института

Прохорчук Егор Борисович

Доктор биологических наук,

Член-корреспондент

Российской академии наук

« _____ »

протокол от «___» _____ 20__ № _____

Нормативно-правовые основы разработки и реализации рабочей программы дисциплины:

1. Образовательный стандарт высшего образования ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Министерства здравоохранения Российской Федерации по уровню образования специалитет по специальности 30.05.01 Медицинская биохимия, утвержденный приказом от «29» мая 2020г. № 365 рук.
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 будущем 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 «Биоинформатика» изучается в 8 семестре(ах) и относится к обязательной части Блока Б.1 «Дисциплины». Является обязательной дисциплиной.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3.0 з.е.

Для успешного освоения настоящей дисциплины обучающиеся в рамках образовательной программы должны освоить следующие дисциплины и практики: Органическая химия; Иностранный язык; Биохимия; Высшая математика; Основы информационных технологий.

Знания, умения и опыт практической деятельности, приобретенные при освоении настоящей дисциплины, необходимы для успешного освоения дисциплин: Медицинская генетика; Клиническая лабораторная диагностика.

Знания, умения и опыт практической деятельности, приобретенные при освоении настоящей дисциплины, необходимы для успешного прохождения практик: Преддипломная, НИР.

1.3. Планируемые результаты освоения дисциплины

8 семестр

Код и наименование компетенции	
Код и наименование индикатора достижения компетенции	Планируемые результаты освоения дисциплины
ОПК-6 Способен определять стратегию и проблематику исследований, выбирать оптимальные способы их решения, проводить системный анализ объектов исследования, отвечать за правильность и обоснованность выводов, внедрение полученных результатов в практическое здравоохранение	
ОПК-6.ИД1 Планирует научное исследование	Знать: основные понятия, подходы и методы анализа данных, используемые в биоинформатике
	Уметь: применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских задач
ОПК-6.ИД2 Анализирует результаты научного исследования.	Знать: о связи между аминокислотными и нуклеотидными последовательностями и их функциями
	Уметь: проводить анализ аминокислотных и нуклеотидных последовательностей
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): использования компьютерных программ и баз данных для анализа аминокислотных и нуклеотидных последовательностей
ОПК-6.ИД3 Формулирует выводы на основании результатов исследования с оценкой возможности внедрения полученных результатов в практическое здравоохранение.	Знать: форматы представления биоинформатических данных и способы их представления
	Уметь: использовать форматы представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований
ОПК-7 Способен обеспечить информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения, применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности, выполнять требования информационной безопасности	
ОПК-7.ИД1 Применяет современные информационные технологии и специализированное программное обеспечение для решения профессиональных задач.	Знать: современные компьютерные 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 компьютерных технологий
ОПК-7.ИД2 Осуществляет поиск информации с использованием информационно-коммуникационных технологий и ресурсов биоинформатики для решения задач профессиональной деятельности	Знать: содержимое крупнейших международных интернет ресурсов биомедицинских данных (NCBI, EMBL)
	Уметь: использовать крупнейшие международные интернет-ресурсы биомедицинских данных (NCBI, EMBL) для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, эффективной диагностики и персонализированного лечения пациентов
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): работы с крупнейшими международными интернет-ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL)

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
			8
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.:		44	44
Подготовка к учебным аудиторным занятиям		44	44
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	108	108
	в зачетных единицах: ОТД (в часах): 36	3,00	3,00

* 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

8 семестр

№ п /п	Шифр компетенции	Наименование раздела, темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
Раздел 1. Введение в биоинформатику			
1	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 4. Геномный браузер UCSC	Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
Раздел 2. Парное и множественное выравнивание			
1	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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 (алгоритм Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана).
2	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 2. 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
3	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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 (алгоритм Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). BLAST (интерфейс, алгоритм).

№ п /п	Шифр компетенции	Наименование раздела, темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
4	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 4. 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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 2. Анализ РНК и экспрессии генов	Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии 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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 3. Анализ качества данных секвенирования.	Инструменты для анализа качества результатов секвенирования.
4	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 4. Сборка генома.	Инструменты для сборки и работы с геномом
5	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	Тема 5. Источники транскриптомных данных. Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов.	Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэкранных данных.
6	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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 визуализации белковых структур.

№ п /п	Шифр компетенции	Наименование раздела, темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
2	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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	ОПК-6.ИД1, ОПК-6.ИД2, ОПК-6.ИД3, ОПК-7.ИД1, ОПК-7.ИД2	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
8 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		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		1
Тема 2. PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.							
6	ЛЗ	PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.	2	Д	1		1
Тема 3. Парное выравнивание							
7	СЗ	Парное выравнивание	3	Т	1		1
Тема 4. BLAST, множественное выравнивание. Базы данных PROSITE и PFAM.							
8	СЗ	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		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	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	1	1
Тема 2. Анализ РНК и экспрессии генов							
13	ЛЗ	Анализ РНК и экспрессии генов	2	Д	1	1	1
Тема 3. Анализ качества данных секвенирования.							
14	СЗ	Анализ качества данных секвенирования.	3	Т	1	1	1
Тема 4. Сборка генома.							
15	СЗ	Сборка генома.	3	Т	1	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	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	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	1	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	1	1
Тема 3. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol.							
20	СЗ	Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol.	3	Т	1	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	1
Тема 5. Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.							
22	СЗ	Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.	3	Т	1	1	1
23	К	Коллоквиум по разделам 4-5	3	Р	1	1	1
24	З	Зачет	3	ПА	1		1
		Всего в семестре	64		23	13	23
		Всего по дисциплине	64		23	13	23

(* , ** , *** 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
8 семестр	Зачет	Контроль присутствия, Решение практической (ситуационной) задачи

Условные обозначения ****

Формы промежуточной аттестации	Сокращённое наименование
Зачет	Зачет 3

5.2 Критерии выставления оценок

Критерии выставления оценок при прохождении промежуточной аттестации в форме зачета

8 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;
«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;

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.

8 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)

8 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

8 семестр

Перечень вопросов для подготовки к промежуточной аттестации в форме зачёта

Построение и анализ молекулярных сетей

1. Чем занимается системная биология.
2. Что такое биологические сети.
3. Сигнальные сети, сигнальные пути.
4. Базы данных по сигнальным и метаболическим путям.
5. Метаболические пути.
6. Сети белок-белковых взаимодействий.
7. Подходы к оценке белок-белковых взаимодействий.
8. Базы данных по связи белков/генов с заболеваниями.
9. Анализ топологии биологических сетей.
10. «Мастер-регуляторы» в биологической сети.
11. Мотивы и графлеты биологических сетей.
12. Модули в биологических сетях.
13. Оценка связи белка (гена) с заболеванием.
14. Предсказание маркеров заболеваний.
15. Свойства белков-«хабов».
16. Сети ко-экспрессии.
17. Моделирование динамики биологических сетей.
18. Средства для визуализации и анализа биологических сетей.

Протеомика

1. Протеомика. Алгоритм протеомного исследования. Протеотипические пептиды.
2. Polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE). Физические свойства белков используемые для идентификации положения белка в 2D электрофорезе.
3. Масс-спектрометрия.

4. 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 «Биоинформатика» по программе специалитета по специальности 30.05.01 Медицинская биохимия
направленность (профиль) Медицинская биохимия

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

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	Введение в биоинформатику: [учебник для вузов], Леск А. М., 2024 - 2025	Введение в биоинформатику Парное и множественное выравнивание NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов Структурная биоинформатика и протеомика Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	28	
2	Молекулярное моделирование: теория и практика, Хельтье Х.-Д., 2024 - 2025	Структурная биоинформатика и протеомика	0	https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785001017240.html

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

1. OMIM
2. Научная электронная библиотека PubMed <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>
3. UniProt
4. Консультант студента <http://www.studentlibrary.ru>
5. <http://mon.gov.ru> – сайт Минобрнауки РФ
6. <https://www.kegg.jp>
7. 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.
8. Научная электронная библиотека <https://www.elibrary.ru/>
9. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

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. Единая цифровая образовательная среда РНИМУ им. Н.И. Пирогова – собственная разработка РНИМУ
11. МТС Линк платформа для проведения вебинаров – лицензия до 04.07.2027 г.
12. Антивирус Kaspersky endpoint Security – лицензия до 19.09.2027 г.
13. Архиватор 7-Zip – свободно распространяемое ПО
14. Платформа «Kinescore» - лицензия до 11.03.2027 г.
15. Система управления обучением (LMS) – лицензия бессрочная
16. Ubuntu – свободно распространяемое ПО (ОС с открытым исходным кодом)
17. Debian – свободно распространяемое ПО (ОС с открытым исходным кодом)

18. Adobe Reader, [get/adobe.com/ru/reader/otherversions](http://get.adobe.com/ru/reader/otherversions), (32 шт.), срок действия лицензии: бессрочно
19. R Studio
20. Автоматизированная образовательная среда университета
21. Балльно-рейтинговая система контроля качества освоения образовательной программы в автоматизированной образовательной системе университета.
22. MS Office (Excel)
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	Проектор мультимедийный
2	Аудитория, оборудованная мультимедийными и иными средствами обучения	Компьютеры для обучающихся , Компьютерный стол , Стулья , Возможность подключения к сети «Интернет» и обеспечения доступа в электронную информационно-образовательную среду , Компьютер персональный , Проектор мультимедийный , Компьютерная техника с возможностью подключения к сети “Интернет” , Электрические розетки и подсетка на каждом столе , Доска интерактивная
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.