

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 2024

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) образовательной программы: 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 рассмотрена и одобрена на заседании кафедры «Кафедра биоинформатики МБФ»

(протокол от «__» _____ № _____)

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 советом «
_____»
(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 (модуля):

- 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 (модули)». Является обязательной дисциплиной.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3.0 з.е.

Для успешного освоения настоящей дисциплины (модуля) обучающиеся в рамках образовательной программы должны освоить следующие дисциплины: 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 (модуля)
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 (защиты курсовой работы) выделяется в рамках контактной работы (ДВЗ) Проведение промежуточной аттестации в форме зачёта (защиты курсовой работы) организуется в соответствии с расписанием занятий.

3. Содержание дисциплины

3.1. Содержание разделов, тем дисциплины

8 семестр

№ п/п	Шифр компетенции	Наименование раздела (модуля), 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 (алгоритмом 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 (РАМ, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита- Уотермана). BLAST (интерфейс, алгоритм).
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 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	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 микроэррейных 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 трехмерной 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	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.

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	C3	Сборка генома.	3	T	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

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 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	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
		Всего в семестре	61		23	13	23

		Всего по дисциплине (модулю)	61		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		+	

Типы контроля (ТК)

Типы контроля	Сокращенное наименование
Контроль присутствия	КП
Опрос устный	ОУ
Решение практической (ситуационной) задачи	РЗ

5. Промежуточная аттестация обучающихся по дисциплине (модулю)

Оценочные средства промежуточной аттестации

5.1. Формы проведения промежуточной аттестации

Семестр	Форма проведения промежуточной аттестации****	Форма организации промежуточной аттестации
1	2	3
8 семестр	Зачет	Решение практической (ситуационной) задачи

Условные обозначения ****

Формы проведения промежуточной аттестации	Сокращённое наименование	
Зачет	Зачет	З
Защита курсовой работы	Защита курсовой работы	ЗКР
Экзамен	Экзамен	Э

6. Структура рейтинга по дисциплине (модулю)

6.1. Обучающийся имеет право пройти промежуточную аттестацию по дисциплине (модулю) или её части на основании рейтинга успеваемости обучающегося и результатов прохождения текущего рубежного контроля по дисциплине (модулю) 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 /Оценка	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 (модулю)

8 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 не кодирующие 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

Зачетный билет для проведения зачёта

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

Кафедра биоинформатики МБФ

Билет № _____

для проведения зачета по дисциплине Б.1.О.02 «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.

Заведующий кафедрой Кафедра биоинформатики МБФ Лагунин А. А.

8. Методические указания обучающимся по освоению дисциплины (модуля)

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 Филогенетический анализ и молекулярная эволюция Парное и множественное выравнивание Структурная биоинформатика и протеомика NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов	28	
2	Молекулярное моделирование: теория и практика, Хельте 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 (модуля)

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. Хельте [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 (модулю), включая перечень программного обеспечения и информационных справочных систем (при наличии)

1. Автоматизированный информационный комплекс «Цифровая административно-образовательная среда РНИМУ им. Н.И. Пирогова»
2. Система управления обучением
3. Adobe Reader, [get/adobe.com/ru/reader/otherversions](http://get.adobe.com/ru/reader/otherversions), (32 шт.), срок действия лицензии: бессрочно
4. R Studio
5. Автоматизированная образовательная среда университета
6. Балльно-рейтинговая система контроля качества освоения образовательной программы в автоматизированной образовательной системе университета.
7. MS Office (Excel)
8. Microsoft Office (Word)

9.4. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля)

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 (модуля):

№ 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 , Компьютер персональный , Компьютерный стол , Проектор мультимедийный , Компьютерная техника с возможностью подключения к сети “Интернет” , Электрические розетки и подсетка на каждом столе , Доска интерактивная , Стулья , Возможность подключения к сети «Интернет» и обеспечения доступа в электронную информационно-образовательную среду
3	Помещение для самостоятельной работы обучающихся, оснащенное компьютерной техникой с возможностью	Учебная мебель (столы, стулья), компьютерная техника с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду

	подключения к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации	
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.

