

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)

Медико-биологический факультет

«УТВЕРЖДАЮ»

Декан медико-биологического факультета

д-р биол. наук, проф.

_____ Е.Б. Прохорчук

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

С.1В.О.1 БИОИНФОРМАТИКА

для образовательной программы высшего образования -
программы специалитета по специальности

30.05.01 Медицинская биохимия

Москва 2020 г.

Настоящая рабочая программа дисциплины С.1В.О.1 «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.

Рабочая программа дисциплины подготовлена на кафедре Биоинформатики (далее – кафедра) ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России авторским коллективом под руководством Лагунина А.А., доктора биологических наук, профессора РАН.

Составители:

№ п. п.	Фамилия, Имя, Отчество	Ученая степень, ученое звание	Занимаемая должность	Основное место работы	Подпись
1.	Шилов Борис Владимирович	канд мед. наук, доц.	Доцент кафедры биоинформатики МБФ	ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России	
2.	Лагунин Алексей Александрович	д-р биол. наук, проф.	Зав. кафедрой биоинформатики МБФ	ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России	

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена на заседании кафедры (Протокол № 4 от «15» апреля 2020 г.).

Рабочая программа дисциплины рекомендована к утверждению рецензентами:

№ п.п	Фамилия, Имя, Отчество	Ученая степень, ученое звание	Занимаемая должность	Основное место работы	Подпись
1.	Мошковский Сергей Александрович	д-р биол. наук, проф.	зав. кафедрой биохимии МБФ	ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России	

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена советом медико-биологического факультета, протокол № 1 от «31» августа 2020 г.

Нормативно-правовые основы разработки и реализации рабочей программы дисциплины:

1) Федеральный государственный образовательный стандарт высшего образования по специальности 30.05.01 «Медицинская биохимия», утвержден приказом Министра образования и науки Российской Федерации «11» августа 2016 года № 1013.

- 2) Общая характеристика образовательной программы.
- 3) Учебный план образовательной программы.
- 4) Устав и локальные акты Университета.

1. Общие положения

1.1. Цель и задачи дисциплины:

1.1.1. Целью изучения дисциплины является:

Получение студентами основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики, о приложении методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических 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 программы дисциплины:

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

1.2. Место дисциплины в структуре образовательной программы:

Учебная дисциплина изучается в 11 семестре и относится к вариативной части Блок С.1.В Дисциплин. Является дисциплиной по выбору.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 з.е.

Для изучения дисциплины необходимы следующие знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами:

Иностранный язык
 Латинский язык
 Теория вероятности и математическая статистика
 Информатика, медицинская информатика
 Органическая и физическая химия
 Физиология
 Микробиология, вирусология
 Общая и медицинская генетика
 Общая биохимия

Знания, умения и навыки, сформированные, на настоящей дисциплине, будут использованы на выполнении преддипломной практики и выпускной квалификационной работы

1.3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы:

Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю): (знания, умения навыки)	Компетенции студента, на формирование, которых направлены результаты обучения по дисциплине (модулю)	Шифр компетенции
Общекультурные компетенции		
<p>Знать: основные подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике</p> <p>Уметь: применять основные подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике</p> <p>Владеть навыками использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач</p>	<p>способность к абстрактному мышлению, анализу, синтезу</p>	<p>ОК-1</p>
Общепрофессиональные компетенции		
<p>Знать: Содержимое крупнейших международных интернет ресурсов биомедицинских данных (NCBI, EMBL).</p> <p>Уметь: использовать крупнейшие международные интернет ресурсы биомедицинских данных (NCBI, EMBL) для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, эффективной диагностики и персонализированного лечения пациентов.</p> <p>Владеть навыками работы с крупнейшими международными интернет ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL).</p>	<p>готовность решать стандартные задачи профессиональной деятельности с использованием информационных, библиографических ресурсов, медико биологической терминологии, информационно-коммуникационных технологий и учетом основных требований ин-формационной безопасности</p>	<p>ОПК-1</p>
<p>Знать: основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике</p> <p>Уметь: применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач</p> <p>Владеть навыками использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач</p>	<p>Готовность к использованию основных физико-химических, математических и иных естественнонаучных понятий и методов при решении профессиональных задач</p>	<p>ОПК-5</p>

<p>Знать: основные электронные базы данных химических соединений и лекарственных веществ, содержащие информацию об их структуре, свойствах и биологической активности,</p> <p>Уметь: работать с основными электронными базами-данных химических соединений и лекарственных веществ, содержащие информацию об их структуре, свойствах и биологической активности</p> <p>Владеть: свободно владеть средствами доступа к основным электронным базам данных химических соединений и лекарственных веществ</p>	<p>Готовность к применению лекарственных препаратов и иных веществ и их комбинаций при решении профессиональных задач</p>	<p>ОПК-6</p>
Профессиональные компетенции		
<p>Знать: основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике</p> <p>Уметь: применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач</p> <p>Владеть навыками использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, эффективной диагностики и персонализированного лечения пациентов</p>	<p>Способность и готовность к осуществлению комплекса мероприятий, направленных на сохранение и укрепление здоровья и включающих в себя формирование здорового образа жизни, предупреждение возникновения и (или) распространения заболеваний, их раннюю диагностику, выявление причин и условий их возникновения и развития, а также направленных на устранения вредного влияния на здоровье человека факторов среды его обитания</p>	<p>ПК-1</p>
<p>Знать: способы представления, хранения и анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей</p> <p>Уметь: использовать интернет ресурсы и биоинформатические методы в биомедицинских исследованиях</p> <p>Владеть навыками работы с результатами транскрипторных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения</p>	<p>Готовность к проведению лабораторных и иных исследований в целях распознавания состояния или установления факта наличия или отсутствия заболевания</p>	<p>ПК-4</p>
<p>Знать: основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в</p>	<p>способность к применению системного анализа в изучении биологических систем</p>	<p>ПК-6</p>

<p>биоинформатике Уметь: применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач Владеть навыками использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач</p>		
<p>Знать: основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике Уметь: применять основные подходы и методы биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач Владеть навыками использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, эффективной диагностики и персонализированного лечения пациентов</p>	<p>способность и готовность к организации и осуществлению прикладных и практических проектов и иных мероприятий по изучению биофизических и иных процессов и явлений, происходящих на клеточном, органном и системном уровнях в организме человека</p>	ПК-11
<p>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 навыками работы с крупнейшими международными интернет ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL).</p>	<p>способность к организации и проведению научных исследований, включая выбор цели и формулировку задач, планирование, подбор адекватных методов, сбор, обработку, анализ данных и публичное их представление с учетом требований информационной безопасности</p>	ПК-13

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

Формы работы обучаю	В Распределение часов по
---------------------	--------------------------

Виды учебных занятий / Формы промежуточной аттестации	семестрам						
Учебные занятия							
Контактная работа обучающихся с преподавателем в семестре (КР), в т.ч.:	7						7
Лекционное занятие (ЛЗ)	1						1
Семинарское занятие (СЗ)							
Практическое занятие (ПЗ)	4						4
Практикум (П)							
Лабораторно-практическое занятие							

ГО и др. типов)					
Промежуточная аттестация					
<i>Контактная работа обучающихся в ходе промежуточной аттестации (КР ПА), в т.ч.:</i>					
Зачёт (З)	+				+
Защита курсовой работы (ЗКР)	-				-
Экзамен (Э)**	-				-
<i>Самостоятельная работа обучающихся при подготовке к промежуточной аттестации (СПП</i>					

А), в т.ч.									
Подготовка к экзамену*									
Общая трудоемкость дисциплины (ОТД)	в часах: ОТД = КР + СРС + КРПА + СРПА	1							1
	в зачетных единицах: ОТД (в часах) :36	3							3

3.Содержание дисциплины (модуля)

3.1 Содержание разделов (модулей), тем дисциплины (модуля)

№ п/п	№ компетенции	Наименование раздела (темы) дисциплины	Содержание раздела (темы) в дидактических единицах
1	2	3	4
1.	ОК-1 ОПК-1 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1 ПК-4 ПК-6 ПК-11 ПК-13	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы (state of the art). 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. Введение в 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 microarray экспериментов) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Формирование концепции и использование баз знаний в биоинформатике и системной биологии. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по низкомолекулярным соединениям и лекарствам (PubChem, ChEMBL, DrugBank, ClinicalTrials.gov)
2.	ОК-1 ОПК-1 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1 ПК-4 ПК-6 ПК-11 ПК-13	Парное и множественное выравнивание.	Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий. 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-

			<p>Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Fasta. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST.</p> <p>Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания.</p> <p>Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Toffee.</p> <p>Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.</p> <p>Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.</p>
3	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1 ПК-4 ПК-6 ПК-11 ПК-13</p>	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция</p>	<p>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. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.</p>
4	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1</p>	<p>Структурная биоинформатика</p>	<p>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).</p>

	ПК-4 ПК-6 ПК-11 ПК-13		Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.
5	ОК-1 ОПК-1 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1 ПК-4 ПК-6 ПК-11 ПК-13	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Экспрессия генов: анализ микроэррейных данных	Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом (CLC Workbench). 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). Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэррейных данных. Статистический анализ RNASeq данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.
6	ОК-1 ОПК-1 ОПК-5 ОПК-6 ПК-1 ПК-4 ПК-6 ПК-11 ПК-13	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	Методы анализа белок-белковых взаимодействий. Базы данных по белок-белковым взаимодействиям (Biogrid, IntAct, CORUM, HIPPIE, HAPPY, ConsensusPathDB). Базы данных регуляторных и метаболических путей (KEGG, EHMN, Reactom, NCI pathways, Biocarta, NetPath, Wikipathways). Методы статического и динамического анализа биологических сетей. Навыки работы с программой визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.

3.2. Перечень разделов (модулей), тем дисциплины (модуля) для самостоятельного изучения обучающимися (при наличии)

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

4. Тематический план дисциплины

4.1. Тематический план контактной работы обучающихся с преподавателем

(*смотри условные обозначения)

№ п/п	Виды учебных	Период обучения (семестр). Порядковые номера и наименование разделов (модулей) (при наличии). Порядковые номера и наименование тем (модулей) модулей. Темы учебных занятий.	Количество	Виды текущего контроля уроков **	Формы текущего контроля успеваемости					
					РП	Обс	ОП	ОК	К П	ТЭ
11 семестр										
1	Введение в биоинформатику		8							
1.1	ЛЗ	Введение в биоинформатику. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных.	2	Д					+	
1.2	СЗ	Работа с базами данных NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene).	3	Т			+		+	
1.3	СЗ	Базы данных UniProt, KEGG, GeneOntology и EMBL.	3	Т			+		+	
2	Парное и множественное выравнивание.		16							
2.1	ЛЗ	Принципы выравнивания последовательностей. Матрицы замен. Понятие гомологии. BLAST	2	Д					+	
2.2	ЛЗ	PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Профили. Домены. Базы данных PROSITE и PFAM.	2	Д					+	
2.3	СЗ	Парное выравнивание	3	Т			+		+	
2.4	СЗ	BLAST	3	Т			+		+	
2.5	СЗ	PSI-BLAST. Базы данных PROSITE и PFAM.	3	Т			+		+	
2.6	СЗ	Множественное выравнивание.	3	Т			+		+	
3	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция		8							
3.1	ЛЗ	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	2	Д					+	
3.2	СЗ	Филогения. База данных NCBI HomoloGene. MEGA –программа для филогенетического анализа последовательностей.	3	Т			+		+	
3.3	К	Модульный контроль 1	3	Р				+	+	+
4	Структурная биоинформатика		8							
4.1	ЛЗ	Структурная биоинформатика	2	Д					+	
4.2	СЗ	Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с	3	Т			+		+	

		использованием PyMol. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.							
4.3	СЗ	Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.	3	Т		+		+	
5	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов		16						
5.1	ЛЗ	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов.	2	Д				+	
5.2	ЛЗ	Анализ РНК и экспрессии генов	2	Д				+	
5.3	СЗ	Анализ качества данных секвенирования.	3	Т		+		+	
5.4	СЗ	Сборка генома.	3	Т		+		+	
5.5	СЗ	Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэрейных данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.	3	Т		+		+	
5.6	СЗ	Использование языка R для обработки результатов данных RNASeq.	3	Т		+		+	
6	Биоинформатика в медицинских исследованиях и клинике		16						
6.1	ЛЗ	Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути. Построение и анализ биологических сетей.	2	Д				+	
6.2	ЛЗ	Геномика рака	2	Д				+	
6.3	СЗ	Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.	3	Т		+		+	
6.4	СЗ	Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.	3	Т		+		+	
6.5	СЗ	Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.	3	Т		+		+	
6.6	К	Модульный контроль	3	Р		+			+
		Всего за семестр:	72						
		Всего по дисциплине:	72						

Виды учебных занятий и формы промежуточной аттестации *

Виды учебных занятий, формы промежуточной аттестации	Сокращённое наименование	
	Лекционное занятие	Лекция
Семинарское занятие	Семинар	СЗ
Практическое занятие	Практическое	ПЗ
Практикум	Практикум	П
Лабораторно-практическое занятие	Лабораторно- практическое	ЛПЗ
Лабораторная работа	Лабораторная работа	ЛР
Клинико-практические занятия	Клинико- практическое	КПЗ
Специализированное занятие	Специализированное	СЗ
Комбинированное занятие	Комбинированное	КЗ
Коллоквиум	Коллоквиум	К
Контрольная работа	Контр. работа	КР
Итоговое занятие	Итоговое	ИЗ
Групповая консультация	Групп. консультация	КС
Конференция	Конференция	Конф.
Защита курсовой работы	Защита курсовой работы	ЗКР
Экзамен	Экзамен	Э

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 на занятиях по теме.
Текущий рубежный (модульный) контроль	Рубежный	Р	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности по теме (разделу) дисциплины
Текущий итоговый контроль	Итоговый	И	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности по темам (разделам) дисциплины

Формы проведения текущего контроля успеваемости
и промежуточной аттестации обучающихся /виды работы обучающихся/ ***

№	Формы проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся (ФТКУ) ***	Техническое и сокращённое наименование		Виды работы обучающихся (ВРО) ***	Типы контроля
1	Контроль присутствия (КП)	Присутствие	КП	Присутствие	Присутствие
2	Учет активности (А)	Активность	А	Работа на занятии по теме	Участие
3	Опрос устный (ОУ)	Опрос устный	ОУ	Выполнение задания в устной форме	Выполнение обязательно
4	Опрос письменный (ОП)	Опрос письменный	ОП	Выполнение задания в письменной форме	Выполнение обязательно
5	Опрос комбинированный (ОК)	Опрос комбинированный	ОК	Выполнение заданий в устной и письменной форме	Выполнение обязательно
6	Тестирование в электронной форме (ТЭ)	Тестирование	ТЭ	Выполнение тестового задания в электронной форме	Выполнение обязательно
7	Проверка реферата (ПР)	Реферат	ПР	Написание (защита) реферата	Выполнение обязательно
8	Проверка лабораторной работы (ЛР)	Лабораторная работа	ЛР	Выполнение (защита) лабораторной работы	Выполнение обязательно
9	Подготовка учебной истории болезни (ИБ)	История болезни	ИБ	Написание (защита) учебной истории болезни	Выполнение обязательно
10	Решение практической (ситуационной) задачи (РЗ)	Практическая задача	РЗ	Решение практической (ситуационной) задачи	Выполнение обязательно
11	Подготовка курсовой работы (ПКР)	Курсовая работа	ПКР	Выполнение (защита) курсовой работы	Выполнение обязательно
12	Клинико-практическая работа (КПР)	Клинико-практическая работа	КПР	Выполнение клинико-практической работы	Выполнение обязательно
13	Проверка конспекта (ПК)	Конспект	ПК	Подготовка конспекта	Выполнение обязательно
14	Проверка контрольных нормативов (ПKN)	Проверка нормативов	ПKN	Сдача контрольных нормативов	Выполнение обязательно
15	Проверка отчета (ПО)	Отчет	ПО	Подготовка отчета	Выполнение обязательно
16	Контроль выполнения домашнего задания (ДЗ)	Контроль самостоятельной работы	ДЗ	Выполнение домашнего задания	Выполнение обязательно, Участие
17	Контроль изучения электронных образовательных ресурсов (ИЭОР)	Контроль ИЭОР	ИЭОР	Изучения электронных образовательных ресурсов	Изучение ЭОР

4.2. Содержание самостоятельной работы обучающихся

№ п/п	Период обучения (семестр). Наименование раздела (модуля), тема дисциплины (модуля)	Содержание самостоятельной работы обучающихся	Всего часов
-------	--	---	-------------

1	2	3	4
11 семестр			
1.	Введение в биоинформатику	Работа с учебниками, учебно-методическими пособиями, электронными демонстрационными материалами, подготовка к тестам, решение ситуационных задач	4
2.	Парное и множественное выравнивание. BLAST, PSI-BLAST	Работа с учебниками, учебно-методическими пособиями, электронными демонстрационными материалами, подготовка к тестам, решение ситуационных задач	8
3.	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	Работа с учебниками, учебно-методическими пособиями, электронными демонстрационными материалами, подготовка к тестам, решение ситуационных задач	4
4.	Структурная биоинформатика	Работа с учебниками, учебно-методическими пособиями, электронными демонстрационными материалами, подготовка к тестам, решение ситуационных задач	4
5.	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов	Работа с учебниками, учебно-методическими пособиями, электронными демонстрационными материалами, подготовка к тестам, решение ситуационных задач	8
6.	Биоинформатика в медицинских исследованиях и клинике	Работа с учебниками, учебно-методическими пособиями, электронными демонстрационными материалами, подготовка к тестам, решение ситуационных задач, подготовка к зачетному занятию	8
Всего за семестр			36

5. Организация текущего контроля успеваемости обучающихся

5.1. Оценочные средства текущего контроля успеваемости обучающихся

5.1.1. Условные обозначения:

Типы контроля (ТК)*

Виды текущего контроля успеваемости (ВТК)

Текущий дисциплинирующий контроль	Д
Текущий тематический контроль	Т
Текущий рубежный (модульный) контроль	Р

Типы контроля (ТК)

Тип контроля		Тип оценки
Выполнение	В	ранговый
Присутствие	П	наличие события

Виды текущего контроля успеваемости (ВТК)**

Виды текущего контроля успеваемости (ВТК)**	Сокращённое наименование	Содержание
Текущий	Дисциплинирующий	Контроль посещаемости занятий

дисциплинирующий контроль		Д	обучающимся
Текущий тематический контроль	Тематический	Т	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности на занятиях по теме.
Текущий рубежный (модульный) контроль	Рубежный	Р	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности по теме (разделу, модулю) дисциплины
Текущий итоговый контроль	Итоговый	И	Оценка усвоения обучающимся знаний, умений и опыта практической деятельности по темам (разделам, модулям) дисциплины

5.1.2. Структура текущего контроля успеваемости по дисциплине

Порядок работы в балльно-рейтинговой системе

Виды занятий		Формы текущего контроля успеваемости		ТК	ВК	Max	Min	Шаг
Лекционное занятие	ЛЗ	Контроль присутствия	КП	П	Д	1		
Специализированное занятие	СЗ	Контроль присутствия	КП	П	Д	1	0	0
		Выполнение лабораторной работы	ЛР	В	Т	10		1
Коллоквиум	К	Контроль присутствия	КП	П	Д	1	0	0
		Тестирование в электронной форме	ТЭ	В	Р	20		1
		Опрос комбинированный	ОП	В	Р	30		1

5.1.3. Весовые коэффициенты текущего контроля успеваемости обучающихся
(по видам контроля и видам работы)

Вид контроля	Пл н %	Исходно		ФТКУ / Вид работы	Т К	Пл н %	Исходно		Коз ф.
		Балл ы	%				Балл ы	%	
Текущий дисциплинирующий контроль	10	26	9.4 2	Контроль присутствия	П	10	26	9.4 2	0.38
Текущий тематический контроль	60	150	54. 4	Выполнение лабораторной работы	В	60	150	54. 4	0.4
Текущий рубежный (модульный) контроль	30	100	36. 2	Опрос устный	В	10	40	14. 5	0.25
				Опрос письменный	В	10	60	21. 7	
Мах кол. баллов	100	276							

С е м е с т р	Модуль (№, название)		Занятие		Наполняемость	ЭОР
	№	название	№	название		
1	1	Введение в биоинформатику.	1	Работа с базами данных NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene).	Пр1	
			2	Базы данных UniProt, KEGG, GeneOntology и EMBL.		
2	2	Парное и множественное выравнивание	3	Парное выравнивание	Пр3	
			4	BLAST		
			5	PSI-BLAST. Базы данных PROSITE и PFAM.		
			6	Множественное выравнивание.		
3	3	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция	7	Филогения. База данных NCBI HomoloGene. MEGA –программа для филогенетического анализа последовательностей.	Пр7	
			8	Модульный контроль 1		
4	4	Структурная биоинформатика	9	Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Визуализация 3D структур с использованием PyMol. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.	Пр8	
			10	Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.		
5	5	NGS – секвенирование	11	Анализ качества данных секвенирования.	Пр10	

		12	Сборка генома.	Пр11	
	следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов	13	Использование языка R для обработки результатов данных микрочипов. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэррейных данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.	Пр12	
		14	Использование языка R для обработки результатов данных RNASeq.	Пр13	
6	Биоинформатика для протеомных исследований. Белок-белковые взаимодействия. Регуляторные и метаболические пути.	15	Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.	Пр14	
7	Построение и анализ биологических сетей.	16	Программа визуализации и анализа биологических сетей – Cytoscape.	Пр15	
8		17	Модульный контроль 2	T2, Кп2	T2.doc

5.2. Порядок текущего контроля успеваемости обучающихся (критерии, показатели и порядок текущего контроля успеваемости обучающихся)

Критерии, показатели и порядок балльно-рейтинговой системы текущего контроля успеваемости обучающихся по дисциплине (модулю) устанавливается Положением о балльно-рейтинговой системе текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся по программам высшего образования – программам бакалавриата, программам специалитета, программам магистратуры в федеральном государственном автономном образовательном учреждении высшего образования Российский национальный исследовательский медицинский университет им. Н.И. Пирогова Министерства здравоохранения Российской Федерации с изменениями и дополнениями (при наличии).

5. Организация промежуточной аттестации обучающихся

- 1) Форма промежуточной аттестации согласно учебному плану – зачет.
- 2) Форма организации промежуточной аттестации:
– на основании семестрового рейтинга обучающихся.

Перечень вопросов для подготовки к промежуточной аттестации

1. Какие из следующих баз данных могут быть использованы для доступа к текстовой информации о заболеваниях человека?
2. Какова разница между RefSeq и GenBank?
3. Если вы хотите получить информацию о публикациях, то, какой ресурс необходимо использовать?
4. Какие из следующих баз данных созданы на основе информации о мРНК?
5. Сравните использование NCBI и EMBL для получения информации о последовательности белка.
6. Ортологи определяются как:

7. Какая из следующих аминокислот наименее изменяемая в соответствии с оценочной матрицей PAM?
8. В каком проценте аминокислот между двумя гомологичными последовательностями произошли изменения с течением времени по оценочной матрице PAM1?
9. Какое из следующих предложений наиболее точно описывает разницу между глобальным и локальным выравниванием двух последовательностей?
10. У вас есть два отдаленно родственных белка. Какие матрицы BLOSUM или PAM лучше использовать для их сравнения?
11. У вас есть достаточно короткая, обычная, двухцепочечная ДНК-последовательность. Сколько белков она может потенциально кодировать?
12. У Вас есть последовательность ДНК. Вы хотите знать, какие белки в основной базе данных белков ("NR", неизбыточная база данных), наиболее похожи на белок, кодируемый вашей ДНК. Какую программу следует использовать?
13. Какой параметр результатов поиска BLAST обеспечивает понимание количества ложноположительных оценок в результате поиска?
14. Найдите соответствие между названием и описанием программ поиска BLAST:
15. Изменение каких из следующих параметров BLAST приведет к уменьшению результатов поиска?

6. Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине

7.1. Планируемые результаты обучения по дисциплине, соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы (по периодам освоения образовательной программы) – согласно п. 1.3. настоящей рабочей программы дисциплины.

7.2 Критерии, показатели и порядок промежуточной аттестации обучающихся с использованием балльно-рейтинговой системы. Порядок перевода рейтинговой оценки обучающегося в традиционную систему оценок.

11 семестр

Порядок промежуточной аттестации обучающегося по дисциплине (модулю) в форме зачёта

Промежуточная аттестация по дисциплине (модулю) в форме зачёта проводится на основании результатов текущего контроля успеваемости обучающегося в семестре, в соответствии с расписанием занятий по дисциплине, как правило на последнем занятии.

Время на подготовку к промежуточной аттестации не выделяется.

Критерии, показатели и порядок балльно-рейтинговой системы промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине (модулю) в форме зачета, а также порядок перевода рейтинговой оценки обучающегося в традиционную систему оценок устанавливается Положением о балльно-рейтинговой системе текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся по программам высшего образования – программам бакалавриата, программам специалитета, программам магистратуры в федеральном государственном автономном образовательном учреждении высшего образования Российский национальный исследовательский медицинский университет им. Н.И. Пирогова Министерства здравоохранения Российской Федерации с изменениями и дополнениями (при наличии).

8. Методические указания обучающимся по освоению дисциплины

Обучение по дисциплине «Биоинформатика» складывается из контактной работы, включающей лекционные занятия, практические занятия и коллоквиумы, самостоятельной работы и промежуточной аттестации.

Лекционные занятия проводятся с использованием демонстрационного материала в виде слайдов и учебных фильмов.

Практические занятия проходят в учебных аудиториях и учебных лабораториях. В ходе занятий студенты решают ситуационные задачи по проведению товароведческого анализа, включающего приемку товара по количеству и качеству, участвуют в деловых и ролевых играх, а также разбирают конкретные производственные ситуации.

Коллоквиум является важным видом занятия, в рамках которого проводится текущий рубежный, а также текущий итоговый контроль успеваемости студента. При подготовке к коллоквиумам студенту следует внимательно изучить материалы лекций и рекомендуемую литературу, а также проработать практические задачи, которые разбирались на занятиях или были рекомендованы для самостоятельного решения.

Самостоятельная работа студента направлена на подготовку к текущему тематическому, текущему рубежному и текущему итоговому контролю успеваемости. Самостоятельная работа включает в себя проработку лекционных материалов, изучение рекомендованной по данному курсу учебной литературы, изучение информации, публикуемой в периодической печати и представленной в Интернете.

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

9.1.1. Основная литература:

№ п/п	Наименование	Автор	Год и место издания	Используется при изучении разделов	Семестр	Количество экземпляров	
						в библиотеке	электронный адрес ресурсов
1	2	3	4	5	6	7	8
1	Введение в биоинформатику	А.Леск	2013 Москва	все разделы	4	20	-

9.1.2. Перечень дополнительной литературы

№ п/п	Наименование	Автор	Год и место издания	Используется при изучении разделов	Семестр	Количество экземпляров	
						в библиотеке	на кафедре
1	2	3	4	5	6	7	8
1	Молекулярное моделирование	Х.-Д. Хельтье	2015	4	4	http://www.studmedlib.ru/cgi-bin/mb4x?usr_data=access(2	

						med.0YI8 ELM6704 SLM6S- X097.ISB N978599 6324019, L, lms0yls qdku.ru.r u)	
--	--	--	--	--	--	--	--

9.2 Перечень ресурсов информационно - телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины (модуля):

1. Entrez (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/gquery>)
2. ChEMBL – экспериментальные данные об активности низкомолекулярных веществ <https://www.ebi.ac.uk/chembl/>
3. ClinicalTrials.gov – клинические исследования
4. DrugBank – лекарства и кандидаты в лекарства <http://www.drugbank.ca/>
5. NCBI dbGaP – данные о генотипах и фенотипах <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gap>
6. NCBI EST – ярлыки экспрессированных последовательностей <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucest/>
7. NCBI Gene – информация о генах <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>
8. Genome Project – информация о проекте Геном <https://www.genome.gov/10001772/all-about-the--human-genome-project-hgp/>
9. NCBI Genome –целые геномные последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>
10. NCBI GEO DataSets – экспериментальные множества экспрессий БД GEO <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gds>
11. NCBI GEO Profiles – экспрессионные профили <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geoprofiles/>
12. NCBI HomoloGene – эукариотические гомологичные группы <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/homologene>
13. KEGG – коллекция баз данных по сигнальным и регуляторным путям <http://www.genome.jp/kegg/>
14. NCBI Nucleotide – набор нуклеотидных последовательностей <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore>
15. OMIM – менделевское наследование признаков у людей <http://www.omim.org/>
16. PFAM - семейства белков с аннотациями и множественным выравниванием последовательностей сгенерированном с использованием скрытых марковских моделей <http://pfam.xfam.org/>
17. PROSITE – белковые семейства и домены <http://prosite.expasy.org/>
18. NCBI Protein – белковые последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein>
19. Protein Data Bank (PDB) – база данных по 3D структурам макромолекул <http://www.rcsb.org>
20. PubChem – биоактивные химические соединения <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>
21. PubMed – биомедицинская литература, цитаты и абстракты <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>
22. Reactom – регуляторные и сигнальные пути <http://www.reactome.org/>
23. NCBI RefSeq – референтные последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/>
24. NCBI ClinVar – связь геномных вариаций со здоровьем человека <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/>
25. NCBI dbSNP – единичные полиморфизмы <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP/>
26. NCBI Structure – трехмерные макромолекулярные структуры <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure>
27. NCBI Taxonomy – систематика организмов, представленных в GeneBank <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>

28. NCBI UniGene – кластеры последовательностей транскриптов
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/unigene>
29. UniProt – информация о белках <http://www.uniprot.org/>
30. Базы данных European Bioinformatics Institute (EBI) <http://www.ebi.ac.uk/>

9.3. Перечень информационных и иных образовательных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине, включая перечень программного обеспечения и информационно-справочных систем (при необходимости):

1. Автоматизированная образовательная среда университета.
2. Балльно-рейтинговая система контроля качества освоения образовательной программы в автоматизированной образовательной системе университета.
3. Наличием свободно распространяемого установленного программного обеспечения, связанного с разделом биоинформатика (Mega, ClustalW, PyMol).
4. Microsoft Office Word
5. Microsoft Office Excel
6. Adobe Acrobat

Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающегося по дисциплине (модулю)

1. Методические указания для студентов «Биоинформатика».

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.

Помещения представляют собой учебные аудитории для проведения учебных занятий, предусмотренные программой специалитета, оснащенные оборудованием и техническими средствами обучения (ноутбуки, мультимедийный проектор, проекционный экран, телевизор, конференц-микрофон, блок управления оборудованием)

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду Университета.

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 и лиц с ОВЗ обеспечены печатными и (или) электронными образовательными ресурсами в формах, адаптированных к ограничениям их здоровья.

Приложения:

1. Оценочные средства для проведения текущего контроля успеваемости обучающихся по дисциплине.
2. Оценочные средства для проведения промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине.

Заведующий кафедрой

Лагунин А.А.

Содержание

1. Общие положения
2. Формы работы обучающихся, виды учебных занятий и их трудоёмкость
3. Содержание дисциплины (модуля)
4. Тематический план дисциплины (модуля)
5. Организация текущего контроля успеваемости обучающихся
6. Организация промежуточной аттестации обучающихся
7. Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине (модулю)
8. Методические указания обучающимся по освоению дисциплины (модуля)
9. Учебно-методическое, информационное и материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля)

Приложения:

- 1) Оценочные средства для проведения текущего контроля успеваемости обучающихся по дисциплине (модулю)
- 2) Оценочные средства для проведения промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине (модулю)