

Минобрнауки России

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования

«Оренбургский государственный университет»

Кафедра биохимии и микробиологии

## **РАБОЧАЯ ПРОГРАММА**

**ДИСЦИПЛИНЫ**

*«С.1.Б.21 Биоинформатика»*

Уровень высшего образования

**СПЕЦИАЛИТЕТ**

Специальность

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика  
(код и наименование специальности)

Биоинженерия

(наименование направленности (профиля)/специализации образовательной программы)

Квалификация

Биоинженер и биоинформатик

Форма обучения

Очная

Год набора 2019

Рабочая программа рассмотрена и утверждена на заседании кафедры

Кафедра биохимии и микробиологии

*наименование кафедры*

протокол №   6   от " 22 "  января   2019  г.

Заведующий кафедрой

Кафедра биохимии и микробиологии

*наименование кафедры*

*подпись*

 Е.С. Барышева 

*расшифровка подписи*

*Исполнители:*

доцент кафедры БХиМБ

*должность*

*подпись*

 И.Ф. Каримов 

*расшифровка подписи*

*должность*

*подпись*

*расшифровка подписи*

СОГЛАСОВАНО:

Председатель методической комиссии по специальности

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

*код наименование*

*личная подпись*

 Е.С. Барышева 

*расшифровка подписи*

Заведующий отделом комплектования научной библиотеки

 Н.Н. Грицай 

*личная подпись*

*расшифровка подписи*

Уполномоченный по качеству факультета

 Е.С. Барышева 

*личная подпись*

*расшифровка подписи*

№ регистрации \_\_\_\_\_

© Каримов И.Ф., 2019

© ОГУ, 2019

## 1 Цели и задачи освоения дисциплины

### Цель (цели) освоения дисциплины:

Ознакомить студентов с возможностями использования вычислительных систем для работы с данными, получаемым при использовании современных молекулярно-генетических методов исследования живых объектов, а также обучить приемам работы с различными базами данных и компьютерными программами, обеспечивающими через эффективную работу с информацией.

### Задачи:

- изучить возможности применения биоинформатики в молекулярной биологии и других дисциплинах;
- обосновать роль вычислительных машин, программирования и применения баз данных в рутинном и научном исследовании;
- научить пользоваться методами анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, а также способами обработки первичных данных и их интерпритации;
- познакомить с информационными технологиями, используемые при получении исследователями через всемирную компьютерную сеть данных и методам их анализа.

## 2 Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина относится к базовой части блока 1 «Дисциплины (модули)»

Пререквизиты дисциплины: *С.1.Б.10 Математика, С.1.Б.13 Органическая химия, С.1.Б.23 Биохимия, С.1.Б.26 Информатика и программирование*

Постреквизиты дисциплины: *С.1.Б.24 Генная инженерия, С.1.В.ДВ.3.2 Вычислительная биология и биометрика, С.2.Б.П.1 Научно-исследовательская работа, С.2.Б.П.3 Преддипломная практика*

## 3 Требования к результатам обучения по дисциплине

Процесс изучения дисциплины направлен на формирование следующих результатов обучения

Планируемые результаты обучения по дисциплине, характеризующие этапы формирования компетенций	Формируемые компетенции
<p><b>Знать:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- возможности применения биоинформатики в молекулярной биологии и других дисциплинах;</li><li>- роль компьютера и программирования в исследовании и в применении баз данных;</li><li>- информационные технологии, используемые при получении исследователями через всемирную компьютерную сеть данных и методам их анализа.</li></ul> <p><b>Уметь:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- решать практические задачи биоинформатики;</li><li>- получать необходимые знания в базах данных по структуре геномов, белков и другой информации для решения задач в области биоинформатики.</li></ul> <p><b>Владеть:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- методами использования имеющихся баз данных и созданием новых, а также инструментов, применяемых для работы с ними;</li><li>- базовыми знаниями в поиске информации и проведении вычислений, исходя из найденных данных.</li></ul>	ОПК-9 способностью создавать компьютерные программы, базы данных и иные программные продукты, используемые в биоинженерии и биоинформатике

## 4 Структура и содержание дисциплины

### 4.1 Структура дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 8 зачетных единиц (288 академических часов).

Вид работы	Трудоемкость, академических часов		
	4 семестр	5 семестр	всего
<b>Общая трудоёмкость</b>	<b>108</b>	<b>180</b>	<b>288</b>
<b>Контактная работа:</b>	<b>50,25</b>	<b>70,5</b>	<b>120,75</b>
Лекции (Л)		18	18
Практические занятия (ПЗ)	16	34	50
Лабораторные работы (ЛР)	34	16	50
Консультации		1	1
Индивидуальная работа и инновационные формы учебных занятий		1	1
Промежуточная аттестация (зачет, экзамен)	0,25	0,5	0,75
<b>Самостоятельная работа:</b> - выполнение курсовой работы (КР); - проработка и повторение лекционного материала и материала учебников и учебных пособий; - подготовка к лабораторным занятиям; - подготовка к практическим занятиям; - подготовка к коллоквиумам; - подготовка к рубежному контролю.	<b>57,75</b>	<b>109,5</b> +	<b>167,25</b>
<b>Вид итогового контроля (зачет, экзамен, дифференцированный зачет)</b>	<b>зачет</b>	<b>экзамен</b>	

Разделы дисциплины, изучаемые в 4 семестре

№ раздела	Наименование разделов	Количество часов				
		всего	аудиторная работа			внеауд. работа
			Л	ПЗ	ЛР	
1	Введение в биоинформатику	16	-	6	2	8
2	Молекулярно-генетические методы	44	-	2	20	22
3	Геном и протеом клетки	8	-	4	-	4
4	Базы данных	12	-	2	2	8
5	Анализ нуклеотидных последовательностей	28	-	2	10	16
	Итого:	108		16	34	58

Разделы дисциплины, изучаемые в 5 семестре

№ раздела	Наименование разделов	Количество часов				
		всего	аудиторная работа			внеауд. работа
			Л	ПЗ	ЛР	
6	Аmplификация, секвенирование и синтез нуклеиновых кислот	32	8	4	2	18
7	Анализ аминокислотных последовательностей	38	2	8	4	24
8	Сетевые взаимодействия	34	4	4	4	22
9	Молекулярная филогения	48	4	10	6	28
10	Обработка информационных данных	28	-	8	-	20

№ раздела	Наименование разделов	Количество часов				
		всего	аудиторная работа			внеауд. работа
			Л	ПЗ	ЛР	
	Итого:	180	18	34	16	112
	Всего:	288	18	50	50	170

## 4.2 Содержание разделов дисциплины

**1 Введение в биоинформатику.** Понятие о биоинформатике. Цели и задачи дисциплины. Предмет биоинформатики. Перспективы развития. Компьютеры и всемирная сеть. Биологические объекты и их особенности. Устройство клетки и биоинформационные задачи возникающие при ее исследовании. Понятие о генетическом коде, транскрипции, трансляции.

**2 Молекулярно-генетические методы:** Получение образцов ДНК. Амплификация. Электрофорез фрагментов ДНК. Идентификация конкретных фрагментов ДНК с помощью блот-гибридизации по Саузерну. Метод секвенирования. Метод полимеразной цепной реакции. Метод получения праймеров, соответствующих известным генам. Метод гибридизации нуклеиновых кислот. Метод клонирования ДНК. Метод получения рекомбинантных молекул ДНК. Метод получения белков с помощью рекомбинантных молекул ДНК. Создание библиотеки генов.

**3 Геном и протеом клетки:** Основные свойства отдельных геномов, в том числе генома человека, и взаимосвязь между ними. Локализация генов в геноме. Геном прокариот (*Escherichia coli*, *Methanococcus jannaschii*, *Mycoplasma genitalium*). Геном эукариот (*Saccharomyces cerevisiae*, *Caenorhabditis elegans*, *Drosophila melanogaster*, *Homo sapiens*). Белок кодирующие гены. Повторяющиеся последовательности. Иерархия белковой структуры. Классификация белков. Предсказание структур белков. CASP.

**4 Базы данных:** Структура мировых знаний в биоинформатике. Публичные базы данных и инструментарий: NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB. Базы данных генов, геномов (EMBL), аминокислот белка (SWISS-PROT, PIR), структур биомолекул.

**5 Анализ нуклеотидных последовательностей:** Пакеты биоинформационных программ и алгоритмов. Стандартный пакет биоинформатика для анализа последовательностей (Blast, Mitter и т.д). Выравнивание нуклеотидных последовательностей. Точечная матрица сходства. Простое и множественное выравнивание. PSI-BLAST. Скрытые марковские модели. Аннотация генов. Полногеномная сборка и gene centric сборка.

**6 Амплификация, секвенирование и синтез нуклеиновых кислот:** Принципы секвенирования. Секвенирование по Сэнгеру. Next generation sequencing. Сборка геномов из данных о сиквенсах. Проект геном человека. Неразрешенные задачи в области секвенирования. Аннотация геномов. Понятие о COG (clusters of orthologous groups). Признаки гена в последовательности ДНК. Факторы транскрипции и сайты связывания.

**7 Анализ аминокислотных последовательностей:** Стабильность и сворачивание белков. Применение гидрофобности. Проблема предсказания структуры. Совмещение структур и структурные выравнивания. DALI. Эволюция белковых структур. Классификация структур белков. SCOP. Критическая оценка предсказания структуры CASP. Разпознавание фолда. Предсказании функции белка.

**8 Сетевые взаимодействия:** Метаболиты в клетке. Оценка достоверности данных о метаболитах. Использование баз по метаболитам и метаболические реконструкции. Сравнительная метаболомика.

**9 Молекулярная филогения:** Описание метагеномных сообществ различной природы. Микробные сообщества, анализ и особенности контроля качества. NGS технологии для метагеномики. WGS - полногеномный сиквенс. Данные (data generation approaches) для 16S анализа разнообразия изучаемого сообщества. Оценка качества данных для 16S, 18S анализа. Анализ с помощью баз данных 16S – алгоритмы и подходы построение филогенетических деревьев на основе 16S данных и их визуализация (термины, параметры, оценки надежности и т.д.). Таксономическая представленность.

**10 Обработка информационных данных:** Вариативность признаков биологических объектов. Генеральная совокупность и выборка. Обработка биологических данных. Пакет Statistica.

Распределение признаков биологических объектов. Сравнение параметров выборок. *t*-критерий Стьюдента, *F*-критерий Фишера. Оценка взаимосвязи признаков биологических объектов. Корреляция и регрессия. Кластеризация. Непараметрический анализ. Факторный и дисперсионный анализ.

#### 4.3 Лабораторные работы

№ ЛР	№ раздела	Наименование лабораторных работ	Кол-во часов
1	1	Принципы организации молекулярно-генетической лаборатории	2
2	2	Методы выделения линейных и кольцевых ДНК из клеток	2
3	2	Методы очистки ДНК	2
4	2	Определение количества и качества ДНК	2
5, 6	2	Основные принципы полимеразно-цепной реакции	4
7, 8	2	Виды полимеразно-цепной реакции	4
9	2	Методы исследования рестрикционных фрагментов	2
10	2	Методы секвенирования нуклеиновых кислот	2
11	2	Методы секвенирования нового поколения	2
12	4	Биологические базы данных	2
13	5	Методы парного выравнивания последовательностей	2
14	5	Методы множественного выравнивания последовательностей	2
15	5	Методы контроля качества данных	2
16	5	Анализ рамок считывания в геноме	2
17	5	Методы поиска 16s р-РНК в геноме	2
18	6	Информационные базы как инструмент идентификации бактерий	2
19	7	Методы выделения белков	2
20	7	Анализ аминокислотной последовательности белков	2
21	8	Методы построения сетей регуляции генов	2
22	8	Методы построения метаболических сетей	2
23	9	Метагеномный анализ	2
24	9	Методы построения филогенетических деревьев	2
25	9	Методы поиска нуклеотидных последовательностей	2
		Итого:	50

#### 4.4 Практические занятия (семинары)

№ занятия	№ раздела	Тема	Кол-во часов
1	1	Особенности биоинформатики и связь с другими науками	2
2	1	История исследования нуклеиновых кислот и белков	2
3	1	Генетический код: координация двух биополимеров	2
4	2	История развития секвенирования	2
5	3	Геномика и протеомика	2
6	3	Расшифровка целых геномов. Геном человека	2
7	4	Информационные ресурсы как инструмент современной биологии	2
8	5	Промежуточное итоговое занятие по молекулярно-генетическим основам клеточного строения	2
9	6	Инструменты работы с информационными ресурсами	2
10	6	Аннотация генов	2
11	7	Трансгенные организмы	2
12	7	Программное обеспечение биологических вычислений	2
13	7	Анализ аминокислотной последовательности белков	2

№ занятия	№ раздела	Тема	Кол-во часов
14	7	Анализ конформаций белка при поиске мишеней	2
15	8	Системная биоинформатика (построение регуляторных сетей)	2
16	8	Моделирование молекулярных взаимодействий	2
17	9	Понятие о метагеномике и область ее применения	2
18	9	Молекулярная филогения и систематика	2
19	9	Методы построения филогенетических деревьев	2
20	9	Методы поиска нуклеотидных последовательностей	2
21	9	Методы сборки геномов	2
22	10	Методы обработки биологических данных	2
23	10	Распределение признаков биологических объектов	2
24	10	Методы сравнения параметров выборок	2
25	10	Итоговое дискуссионное занятие по биоинформатике	2
		Итого:	50

#### 4.5 Курсовая работа (5 семестр)

Примерные темы курсовых работ:

Способы представления информации о последовательностях  
Источники информации  
Базы данных и Интернет для биоинформатики.  
Регуляторные последовательности  
Сайты связывания.  
Алгоритмы Смит-Ватерман и Нидлмана-Вунша.  
Мотивы и домены белков.  
Диаграмма Рамачандран и библиотеки ротамеров.  
NCBI и сервисы.  
Аннотация генома.  
Предсказание структуры белка  
Предсказание функции и клеточной локализации белков  
Предсказание подвижности белков.

#### 5 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

##### 5.1 Основная литература

- 1 Системная компьютерная биология : монография / ред. Н.А. Колчанов, В.А. Лихошвай, С.С. Гончаров, В.А. Иванисенко. - Новосибирск : Сибирское отделение Российской академии наук, 2008. - 768 с. - (Интеграционные проекты СО РАН; вып. 14). - ISBN 978-5-7692-0871-3 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=97735>
- 2 Кельберт, М.Я. Вероятность и статистика в примерах и задачах / М.Я. Кельберт, Ю.М. Сухов ; пер. Л. Сахно, В. Кнопова, Ю. Мишура. - Москва : МЦНМО, 2010. - Т. 1. Основные понятия теории вероятностей и математической статистики. - 486 с. - ISBN 978-5-94057-253-4 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=69109>
- 3 Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для академического бакалавриата / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт, 2019. — 252 с. — (Бакалавр. Академический курс). — ISBN 978-5-534-00860-9. — Текст : электронный // ЭБС Юрайт [сайт]. — URL: <https://biblio-online.ru/bcode/433453>

## 5.2 Дополнительная литература

1 Каменская, И. А. Информационная биология [Текст] : учеб. пособие для вузов / И. А. Каменская; под ред. А. А. Каменского. - М. : Академия, 2006. - 368 с. - (Высшее профессиональное образование). - Библиогр.: с. 347-351.

2 Компьютеры и суперкомпьютеры в биологии [Комплект] / под ред. В. Д. Лахно, М. Н. Устинина. - М. ; Ижевск : Ин-т компьютер. исслед., 2002. - 528 с.

3 Компьютерное моделирование. Лабораторный практикум : учебное пособие / Т.Ю. Терехов, И.Н. Тарова, Е.А. Суздальская, О.Н. Масина ; Министерство образования и науки РФ, Федеральное агентство по образованию РФ, Елецкий государственный университет имени И.А. Бунина. - Елец : Елецкий государственный университет им. И. А. Бунина, 2007. - 207 с. - Библиогр. в кн. - ISBN 5-89144-777-0 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=272333>

4 Биоразнообразие и динамика экосистем: информационные технологии и моделирование : монография / ред. Н.А. Колчанов, В.К. Шумный, Ю.И. Шокин. - Новосибирск : Сибирское отделение Российской академии наук, 2006. - 643 с. - (Интеграционные проекты СО РАН; вып. 7). - ISBN 978-5-7692-0880-5 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=97872>

5 Фейгин, О.О. Наука будущего / О.О. Фейгин. - 2-е изд. - Москва : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2015. - 271 с. : схем., табл., ил. - Библиогр.: с. 241-242. - ISBN 978-5-9963-2990-8 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=427910>

6 Жуковский, О.И. Информационные технологии и анализ данных : учебное пособие / О.И. Жуковский ; Министерство образования и науки Российской Федерации, Томский Государственный Университет Систем Управления и Радиоэлектроники (ТУСУР). - Томск : Эль Контент, 2014. - 130 с. : схем., ил. - Библиогр.: с. 126. - ISBN 978-5-4332-0158-3 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=480500>

## 5.3 Периодические издания

1 Прикладная биохимия и микробиология : журнал. - Москва : Академиздатцентр "Наука" РАН, 2017 – 2019;

2 Бюллетень экспериментальной биологии и медицины : журнал. - Москва : Агентство "Роспечать", 2017 – 2019.

## 5.4 Интернет-ресурсы

1 <http://www.ssmu.ru> – Сайт кафедры микробиологии и вирусологии Сибирской государственной медицинской академии;

2 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> – Национальный центр биотехнологической информации;

3 <http://www.springerlink.com> – Издательство Springer;

4 <https://www.coursera.org/learn/bioinformatika> – «Coursera», MOOK: «Введение в биоинформатику»;

5 <https://www.coursera.org/learn/bioinformatics-metagenomics> – «Coursera», MOOK: «Введение в Биоинформатику: Метагеномика (Introduction to Bioinformatics: Metagenomics)»;

6 <https://www.coursera.org/learn/gmo> – «Coursera», MOOK: «ГМО: технологии создания и применение»

## 5.5 Программное обеспечение, профессиональные базы данных и информационные справочные системы

1 Операционная система Microsoft Windows

2 Пакет настольных приложений Microsoft Office (Word, Excel, PowerPoint, OneNote, Outlook, Publisher, Access)

3 <http://molbiol.edu.ru/project.html> – «Практическая молекулярная биология» - общедоступная гипертекстовая информационная база данных, направленная на обеспечение решения широкого



круга фундаментальных и прикладных задач в области биологии и биомедицины, требующих для своего выполнения применения методов молекулярной биологии и генной инженерии

4 <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> – «Basic Local Alignment Search Tool» - общедоступная система анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей;

5 Oligoseeker - свободно распространяемое программное обеспечение для поиска произвольного паттерна в последовательности нуклеотидов

6 JSeqTool - свободно распространяемое программное обеспечение для работы с последовательностями из буфера обмена (комплемент, реверс, удаление не-FASTA символов).

7 OpenCV (Open Computer Vision Library) - открытая кросс-платформенная библиотека для обработки изображений на C/C++

8 mMass - открытый многоплатформенный инструмент для анализа и просмотра масс-спектров.

## **6 Материально-техническое обеспечение дисциплины**

Учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, семинарского типа, курсового проектирования, для проведения групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации.

Аудитории оснащены комплектами ученической мебели, техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Для проведения лабораторных занятий используется лаборатория «Морфологии и генетики микроорганизмов» оснащенная оборудованием для проведения молекулярно-генетических работ: твердотельный термостат ТЕРМО-48, ДНК-амплификатор ТЕРЦИК модель 2, камера электрофоретическая горизонтальная S-2N, аппарат для детекции результатов ПЦР "Джин", трансиллюминатор ЕСХ-F15.С, ПЦР-бокс UV BIOSAN.

Помещение для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой, подключенной к сети "Интернет", и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду ОГУ.