Минобрнауки России

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
**«Оренбургский государственный университет»**

Кафедра компьютерной безопасности и математического обеспечения информационных систем

# РАБОЧАЯ ПРОГРАММА

ДИСЦИПЛИНЫ

*«Б1.Д.Б.24 Базы данных и основные методы биоинформатики»*

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 2025

Рабочая программа дисциплины «*Б1.Д.Б.24 Базы данных и основные методы биоинформатики*» рассмотрена и утверждена на заседании кафедры

Кафедра компьютерной безопасности и математического обеспечения информационных систем
*наименование кафедры*

протокол № 7 от "21" февраля 2025.

Заведующий кафедрой
Кафедра компьютерной безопасности и математического обеспечения информационных систем
*наименование кафедры* *подпись* И.В. Влацкая *расшифровка подписи*

*Исполнители:*
Доцент *должность* *подпись* И.В.Влацкая *расшифровка подписи*

преподаватель *должность* *подпись* В.В. Бахуревич *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 формирования фонда и научной обработки документов
гл. библиограф *личная подпись* С.А. Бекишиева *расшифровка подписи*

Уполномоченный по качеству института
*личная подпись* С.Н. Морозова *расшифровка подписи*

№ регистрации _____

© Влацкая И.В., 2025
© Бахуревич В.В., 2025
© ОГУ, 2025

**1 Цели и задачи освоения дисциплины**

**Цель (цели)** освоения дисциплины:

Формирование компетенций обучающегося в области профессиональной деятельности, получение базовых знаний о принципах и методах поиска и обработки с большим массивом биологической информации, о принципах поиска нуклеотидных и аминокислотных последовательностей с определенными функциями, получение базовых знаний о строении биополимеров.

**Задачи:**

− усвоить необходимые сведения по методам работам с базами данных;

− освоить основные приемы поиска и обработки биологической информации;

− усвоить необходимые сведения о принципах, практических способах и инструментах поиска нуклеотидных и аминокислотных последовательностей с определенными функциями.

**2 Место дисциплины в структуре образовательной программы**

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

Пререквизиты дисциплины: *Б1.Д.Б.11 Информатика, Б1.Д.Б.12 Информационные технологии и программирование, Б1.Д.Б.18 Квантовая химия и строение молекул, Б1.Д.Б.23 Биоинженерия, Б1.Д.В.10 Биотехнологии и защита окружающей среды*

Постреквизиты дисциплины: *Б1.Д.В.Э.6.1 Молекулярная генетика и болезни человека*

**3 Требования к результатам обучения по дисциплине**

Процесс изучения дисциплины направлен на формирование следующих результатов обучения

| Код и наименование формируемых компетенций | Код и наименование индикатора достижения компетенции | Планируемые результаты обучения по дисциплине, характеризующие этапы формирования компетенций |
|---|---|---|
| ОПК-5 Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа | ОПК-5-В-1 Использует информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков и другую биологическую информацию<br>ОПК-5-В-2 Демонстрирует навыки владения основными биоинформатическими средствами анализа геномной, структурной и иной информации | **Знать:**<br>Основные принципы организаций и структуры баз данных, применяемых в биоинформатике<br>**Уметь:**<br>Пользоваться различными базами данных, содержащими информацию о геномах, белках, генных последовательностях и других биологических объектах.<br>**Владеть:**<br>Навыками работы с различными базами данных и их0 инструментами, специфичными для биологических данных |
| ОПК-6 Способен | ОПК-6-В-1 Использует навыки создания | **Знать:** |

| Код и наименование формируемых компетенций | Код и наименование индикатора достижения компетенции | Планируемые результаты обучения по дисциплине, характеризующие этапы формирования компетенций |
|---|---|---|
| разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения | компьютерных программ, баз данных и иные программных продуктов, используемых в биоинженерии и биоинформатике | сновные принципы разработки алгоритмов и программного обеспечения.<br>**Уметь:**<br>проектировать и разрабатывать алгоритмы для решения конкретных задач в биоинженерии и биоинформатике.<br>**Владеть:**<br>навыками написания чистого, эффективного и модульного кода. |
| ОПК-7 Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности | ОПК-7-В-1 Использует современные информационные технологии в рамках освоения материала и реализации задач в области профессиональной деятельности | **Знать:**<br>Основные принципы работы современных информационных технологий, включая сетевые технологии, базы данных, алгоритмы обработки данных и принципы безопасности информации.<br>**Уметь:**<br>Применять современные информационные технологии для сбора, обработки и анализа биологических данных<br>**Владеть:**<br>Навыками проектирования информационных систем для эффективного решения задач в области профессиональной деятельности. |

## 4 Структура и содержание дисциплины

### 4.1 Структура дисциплины

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

| Вид работы | Трудоемкость, академических часов | | |
|---|---|---|---|
| | 5 семестр | 6 семестр | всего |
| **Общая трудоёмкость** | **108** | **180** | **288** |
| **Контактная работа:** | **52,25** | **52,5** | **104,75** |

| Вид работы | Трудоемкость, академических часов | | |
|---|---|---|---|
| | 5 семестр | 6 семестр | всего |
| Лекции (Л) | 18 | 34 | 52 |
| Практические занятия (ПЗ) | 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 |
| **Самостоятельная работа:**<br>*- выполнение курсовой работы (КР);*<br>*- выполнение индивидуального творческого задания (ИТЗ);*<br>*- выполнение расчетно-графического задания (РГЗ);*<br>*- написание реферата (Р);*<br>*- написание эссе (Э);*<br>*- самоподготовка (проработка и повторение лекционного материала и материала учебников и учебных пособий;*<br>*- изучение разделов курса в системе электронного обучения;*<br>*- изучение разделов массового открытого онлайн-курса « »;*<br>*- подготовка к практическим занятиям;*<br>*- подготовка к коллоквиумам;*<br>*- подготовка к рубежному контролю и т.п.)* | **55,75** | **127,5**<br>+ | **183,25** |
| **Вид итогового контроля (зачет, экзамен, дифференцированный зачет)** | **зачет** | **экзамен** | |

Разделы дисциплины, изучаемые в 5 семестре

| № раздела | Наименование разделов | Количество часов | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | всего | аудиторная работа | | | внеауд. работа |
| | | | Л | ПЗ | ЛР | |
| 1 | Введение в биоинформатику и информационную биологию | 30 | 4 | 4 | | 22 |
| 2 | Методы интерпретации биологических данных. Специализированные базы данных | 48 | 8 | 16 | | 24 |
| 3 | Методы анализа данных и текстовой информации в биологии | 30 | 6 | 14 | | 10 |
| | Итого: | 108 | 18 | 34 | | 56 |

Разделы дисциплины, изучаемые в 6 семестре

| № раздела | Наименование разделов | Количество часов | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | всего | аудиторная работа | | | внеауд. работа |
| | | | Л | ПЗ | ЛР | |
| 1 | Методы анализа экспрессии генов | 58 | 12 | 4 | | 42 |
| 2 | Алгоритмы молекулярной эволюции | 58 | 12 | 6 | | 42 |
| 3 | Биологическая статистика | 64 | 10 | 6 | | 46 |
| | Итого: | 180 | 34 | 16 | | 130 |
| | Всего: | 288 | 52 | 50 | | 186 |

**4.2 Содержание разделов дисциплины**

**4.2.1 Содержание разделов дисциплин в 5 семестре**

**1 раздел Введение в биоинформатику и информационную биологию.** *Биологические объекты и их компьютерное представление. Организация живых систем на молекулярном уровне. Основная догма молекулярной биологии. Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление. Организация геномов про- и эукариот. Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.*

**2 раздел Методы интерпретации биологических данных. Специализированные базы данных**. *Природа и сложности интерпретации биологических данных. Информационные технологии в биоинформатике. Базы данных и информационные системы в биоинформатике. Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике. Методы онтологического моделирования и обзор проектов по созданию онтологий в биоинформатике. Языки программирования в биоинформатике и программно-инструментальные средства. Методы интеграции приложений в биоинформатике. Технологии Pipe line & WorkFlow.*

**3 раздел Методы анализа данных и текстовой информации в биологии.** *Алгоритмы анализа генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам. Алгоритмы структурной и функциональной аннотации геномных последовательностей. Методы выравнивания последовательностей. Быстрый поиск последовательностей в банках данных. Алгоритмы BLAST, BLAT, SSAHA. Ассемблирование геномов. Программы PHRAP, TIGR Assembler. Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков; новая фармакология. Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций. Сравнение пространственных структур белков. Предсказание и моделирование пространственных структур белков.*

**4.2.2 Содержание разделов дисциплин в 6 семестре**

**1 раздел Методы анализа экспрессии генов.** *Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов. Алгоритмы многомерного анализа экспрессионных данных. Алгоритмы реконструкции регуляторных генных сетей. Применение автоматического анализа текстов (Text-mining) для реконструкции ассоциативных генетических сетей. Представление и анализ сетевых моделей сложных биологических систем (генные сети, ассоциативные сети). Поиск и анализ циклов в сетях. Поиск и анализ структурных мотивов. Методы редукции сетевых моделей. Математическое моделирование динамики функционирования живых систем на различных иерархических уровнях их организации.*

**2 раздел Алгоритмы молекулярной эволюции.** *Алгоритмы молекулярной эволюции Построение филогенетического дерева. Компьютерное исследование режимов эволюции генов и генных сетей животных, обуславливающих эмбриональное развитие. Современные методы микроскопии и компьютерного анализа изображений. Высокопроизводительные вычисления в биоинформатике. GRID-системы. Программное обеспечение для высокопроизводительных вычислений. Технологии распараллеливания программ с помощью библиотек MPI? OpenMP.*

**3 раздел. Биологическая статистика**. *Статистические показатели для характеристики биологических объектов. Оценка достоверности выборочных показателей. Выборочные и генеральные совокупности. Средняя ошибка. Закон больших чисел. Распределение малых выборок. Выборочный метод. Сравнение средних квадратических отклонений и вариации. Понятие о корреляции. Коэффициент корреляции и методы его вычисления. Возможные значения коэффициента корреляции. Выборочность коэффициента корреляции. Оценка его достоверности. Коэффициент ранговой корреляции. Множественная и частная корреляция. 6 7 Понятие о*

*регрессии. Эмпирические линии регрессии. Уравнение регрессии. Односторонняя регрессия. Коэффициент регрессии. Связь между регрессией и корреляцией.*

### 4.3 Практические занятия

#### 4.3.1 Практические занятия в 5 семестре

| № занятия | № раздела | Тема | Кол-во часов |
|---|---|---|---|
| 1 | 1 | Способы представления биологической информации | 6 |
| 2 | 1 | Методы интерпретации биологических данных | 8 |
| 3 | 2 | Основные биологические ресурсы базы данных | 8 |
| 4 | 2 | Методы онтологии в биоинформатике | 8 |
| 5 | 2 | Разработка собственных приложений | 8 |
| 6 | 2 | Инструментальные средыы | 4 |
| 7 | 3 | Алгоритмы анализа генетических последовательностей | 4 |
| 8 | 3 | Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания функций | 4 |
| | | Итого: | 50 |

#### 4.3.2 Практические занятия в 6 семестре

| № занятия | № раздела | Тема | Кол-во часов |
|---|---|---|---|
| 1 | 1 | Методы анализа экспрессии генов | 4 |
| 2 | 1 | Применение автоматического анализа текстов (Text-mining) для реконструкции ассоциативных генетических сетей | 2 |
| 3 | 1 | Математическое моделирование динамики функционирования живых систем на различных иерархических уровнях их организации | 2 |
| 4 | 2 | Современные методы микроскопии и компьютерного анализа изображений | 2 |
| 5 | 2 | Программное обеспечение для высокопроизводительных вычислений | 2 |
| 6 | 3 | Построение статистических моделей для биологических процессов | 4 |
| | | Итого: | 16 |

### 4.4 Курсовая работа (6 семестр)

1. Статистические методы анализа в биологии. Основы обработки данных в программе Statistica.
2. Современные молекулярно-генетические методы для решения проблем эволюции и фило гении.
3. Статистические методы как основа доказательной биологии. Уровень доказательности ре зультатов биологических научных исследований
4. Сравнение экспериментального и теоретического распределений на материале полевых практик биологов
5. Выявление зависимости между статистическими данными биологического характера
6. Анализ биологических данных на основе их графического представления
7. Подготовка сиквенсов полученных с генбанков в сети Интернет и создание филогенетиче ского дерева по определенной группе объектов (НИР)

## 5 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

### 5.1 Основная литература

1. Володченкова, Л. А. Биоинформатика: учебное пособие: [16+] / Л. А. Володченкова ; Омский государственный университет им. Ф. М. Достоевского. – Омск: Омский государственный университет им. Ф.М. Достоевского (ОмГУ), 2018. – 44 с.: ил. – Режим доступа: по подписке. – URL: https://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=563147 (дата обращения: 14.04.2024). – Библиогр. в кн. – ISBN 978-5-7779-2214-4. – Текст: электронный.

2. Введение в генетику [Текст]: биоинформатика, ДНК-технология, генная терапия, ДНК экология, протеомика, метаболика: учебное пособие / В. И. Глазко, Г. В. Глазко; под ред. Т. Т. Глазко.- 3-е изд., испр. и доп. - Москва : КУРС, 2018. - 656 с. : ил. - ISBN 978-5-905554-94-0.

### 5.2 Дополнительная литература

1. Основы биоинформатики [Текст] / С. Игнасимуту; пер. с англ. А. А. Чумичкина. - М.: РХД, 2007. - 316 с. - (Биоинформатика и молекулярная биология). - Предм. указ.: с. 311-316. - Прил.: с. 260 282. - Библиогр.: с. 283-286. - ISBN 978-5-93972-620-7

2. Ведение в биоинформатику = Introduction to Bioinformatics [Текст] / А. Леск; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядаса. - М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. : ил. - Парал. тит. л. англ. - ISBN 978-5-94774-501-6.

### 5.3 Периодические издания

Вестник компьютерных и информационных технологий: журнал. - М.: Агентство "Роспечать", 2018.

### 5.4 Интернет-ресурсы

1. *https://www.lektorium.tv/node/38944 - «Лекториум», Курс «Введение в биоинформатику»*

2. А. В. Бутвиловский, Основные методы молекулярной эволюции: монография / А. В. Бутвиловский, Е. В. Барковский, В. Э. Бутвиловский, В. В. Давыдов, Е. А. Черноус, В. В. Хрусталев / под ред. проф. Е. В. Барковского. – Минск, 2009. – 210 с. http: //biology.bsmu.by/files/biology_pdf/monogr/mon_obl.pdf

3. EBI Tools http: //www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/help/

4. Ensembl 2015 / F. Cunningham, M. R. Amode, D. Barrell et al. // Nucleic Acids Research. – 2015. – Vol. 43, D1. – P. D662–D669. http: //nar.oxfordjournals. org/content/43/D1/D662. full

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

Операционная система Astra Linux. «Astra Linux Special Edition» РУСБ.10015-01, лицензионный договор №А-2021-1374-ВУЗ от 28.05.2021

Пакет офисных приложений LibreOffice

Программная система для организации видеоконференц-связи Webinar.ru

Базы данных, информационно-справочные и поисковые системы: Общедоступная база данных Protein Data Bank (режим доступа: https://www.ebi.ac.uk, свободный вход);

Общедоступная база данных GenBank (режим доступа: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank, свободный вход);

Общедоступная библиографическая база данных PubMed (режим доступа: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed, свободный вход);

Общедоступная библиографическая база данных Elibrary (режим доступа: https://elibrary.ru, свободный вход);

Общедоступная библиографическая база данных патентов США (режим доступа: http://patft.uspto.gov, свободный вход).

## 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.

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