

**Тематический план самостоятельной работы обучающегося по дисциплине «Биоинформатика» для обучающихся по образовательной программе бакалавриата по специальности 06.03.01 Биология, направленность (профиль) Генетика, Биохимия, форма обучения очная на 2023 - 2024 учебный год**

№ п/п	Тема самостоятельной работы	Часы (академ.)
1.	<p style="text-align: center;"><b>Способы записи данных о структуре макромолекул. Сохранение данных. Поиск информации в сети Интернет. PubMed.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
2.	<p style="text-align: center;"><b>База знаний по белкам UniProtKB. Банк данных по нуклеотидным последовательностям GenBank.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
3.	<p style="text-align: center;"><b>Парное и множественное выравнивание. Программа Clustal.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
4.	<p style="text-align: center;"><b>Поиск гомологичных структур для заданной последовательности. Система BLAST.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
5.	<p style="text-align: center;"><b>Построение филогенетических деревьев. Анализ пространственных структур белков. Поиск доменов.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2

6.	<p><b>Программы 3D-визуализации пространственных структур белков. Банк данных экспериментальных моделей PDB.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
7.	<p><b>Моделирование третичной структуры белков по гомологии. База данных теоретических моделей ModBase.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
8.	<p><b>Построение 3D-моделей молекул. Оценка аффинности лигандов методом докинга.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
9.	<p><b>QSAR-анализ аффинности лигандов. Сравнение химических структур. База данных лекарственных лигандов DrugBank.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
10.	<p><b>Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 1.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
11.	<p><b>Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
12.	<p><b>Номенклатура генома человека. HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 1.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного</li> </ul>	2

	белка. <sup>2</sup>	
13.	<p><b>Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 2.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
14.	<p><b>Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 1.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
15.	<p><b>Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 2.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
16.	<p><b>База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms).<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
17.	<p><b>Работа с геномным браузером IGSR.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
18.	<p><b>База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2

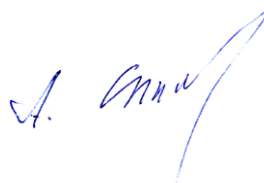
19.	<p><b>Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
20.	<p><b>“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
21.	<p><b>“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 2.<sup>1</sup></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка.</li> <li>• Поиск 3D-моделей определенного белка.</li> <li>• Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></li> </ul>	2
23.	<p>На первом семинарском занятии студенты знакомятся с примерным списком тем рефератов для самостоятельной работы (СРС). Темы УИРС даются в контексте тематики дисциплины в целом и в контексте тематики конкретного семинарского занятия. Поэтому студент имеет возможность во время проведения семинарского занятия получить консультацию по проблемным и недостаточно понятным вопросам. Студент выбирает конкретную тему и самостоятельно готовится по ней. Во время подготовки студент самостоятельно изучает литературу, пишет реферат. В конце изучения дисциплины студент публично защищает выбранную тему. После изложения фактического материала студент отвечает на возникшие вопросы. За СРС каждый студент получает оценку с внесением последней в журнал успеваемости. Форма реферата традиционна.</p>	21
	Итого	63

<sup>1</sup> – тема самостоятельной работы

<sup>2</sup> – сущностное содержание самостоятельной работы

Обсуждено на заседании кафедры фармакологии и биоинформатики  
 Протокол № 17 от «25» мая 2023 г.

Заведующий кафедрой,  
 Академик РАН,  
 д.м.н., профессор



А.А. Спасов