

**Тематический план занятий семинарского типа 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**

№	Тематические блоки	Часы (академ.)
1.	Способы записи данных о структуре макромолекул. Сохранение данных. Поиск информации в сети Интернет. PubMed. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
2.	База знаний по белкам UniProtKB. Банк данных по нуклеотидным последовательностям GenBank. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
3.	Парное и множественное выравнивание. Программа Clustal. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
4.	Поиск гомологичных структур для заданной последовательности. Система BLAST. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
5.	Построение филогенетических деревьев. Анализ пространственных структур белков. Поиск доменов. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
6.	Программы 3D-визуализации пространственных структур белков. Банк данных экспериментальных моделей PDB. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2

7.	<p>Моделирование третичной структуры белков по гомологии. База данных теоретических моделей ModBase.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
8.	<p>Построение 3D-моделей молекул. Оценка аффинности лигандов методом докинга.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
9.	<p>QSAR-анализ аффинности лигандов. Сравнение химических структур. База данных лекарственных лигандов DrugBank.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
10.	<p>Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 1.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
11.	<p>Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
12.	<p>Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 1.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
13.	<p>Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 2.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
14.	<p>Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 1.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.<sup>2</sup></p>	2
15.	<p>Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 2.<sup>1</sup> Сравнение аминокислотных</p>	2

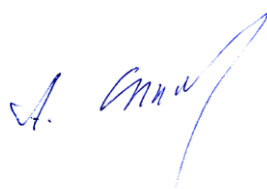
	последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	
16.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
17.	Работа с геномным браузером IGSR. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
18.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
19.	Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
20.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1.	2
21.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 2. <sup>1</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2</sup>	2
22.	Заключительное занятие по курсу Биоинформатика. <sup>1</sup> Защита рефератов. <sup>2</sup>	1
23.	Зачетное занятие	2
Итого часов занятий семинарского типа		45

<sup>1</sup> – тема семинарского занятия

<sup>2</sup> – сущностное содержание семинарского занятия

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