

**Тематический план занятий семинарского типа
по дисциплине «Биоинформатика»
для обучающихся 2024 года поступления
по образовательной программе
06.03.01 Биология,
направленность (профиль) генетика и биохимия,
(бакалавриат),
форма обучения очная
на 2025-2026 учебный год**

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

	ModBase. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²		
8.	Построение 3D-моделей молекул. Оценка аффинности лигандов методом докинга. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	4
9.	QSAR-анализ аффинности лигандов. Сравнение химических структур. База данных лекарственных лигандов DrugBank. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	2
10.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 1. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	4
11.	Заключительное занятие по первой части курса Биоинформатика. ¹ Защита рефератов. ²		2
12.	Зачетное занятие		2
	Всего часов занятий семинарского типа в первой части курса		36
4 семестр			
13.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	2
14.	Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 1. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	4
15.	Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 2. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	2
16.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 1. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	4
17.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 2. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания	ПП	2

	определенного белка. ²		
18.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	4
19.	Работа с геномным браузером IGSR. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	2
20.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	4
21.	Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	2
22.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1.	ПП	4
23.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 2. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	ПП	2
24.	Заключительное занятие по курсу Биоинформатика. ¹ Защита рефератов. ²		2
25.	Зачетное занятие		2
	Всего часов занятий семинарского типа во второй части курса		36
	Итого		72

¹ – тема

² – сущностное содержание

³ – ПП (практическая подготовка)

⁴ – один тематический блок включает в себя несколько занятий, продолжительность одного занятия 45 минут, с перерывом между занятиями не менее 5 минут

Рассмотрено на заседании кафедры фармакологии и биоинформатики
 Протокол № 18 от «31» мая 2025 г.

Заведующий кафедрой



А.А. Спасов