

**Тематический план занятий семинарского типа
по дисциплине «Цифровые
технологии в биологии»
для обучающихся 2026 года поступления
по образовательной программе
06.04.01 Биология,
направленность (профиль) Молекулярная биология,
(магистратура),
форма обучения очная
на 2026-2027 учебный год**

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

6.	Программы 3D-визуализации пространственных структур белков. Банк данных экспериментальных моделей PDB. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
7.	Моделирование третичной структуры белков по гомологии. База данных теоретических моделей ModBase. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
8.	Построение 3D-моделей молекул. Оценка аффинности лигандов методом докинга. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
9.	QSAR-анализ аффинности лигандов. Сравнение химических структур. База данных лекарственных лигандов DrugBank. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
10.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
11.	Заключительное занятие по первой части курса Биоинформатика. Защита рефератов.	ПП	2
12.	Зачетное занятие	ПП	2
	Всего часов занятий семинарского типа в первой части курса		18
2 семестр			
13.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-	ПП	1

	моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.		
14.	Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
15.	Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
16.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
17.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
18.	База данных геномов человека IGSР: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
19.	Работа с геномным браузером IGSР. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
20.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
21.	Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK.	ПП	1

	Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.		
22.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1.	ПП	1
23.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	1
24.	Заключительное занятие по курсу Биоинформатика. Защита рефератов.	ПП	1
25.	Зачетное занятие		2
	Всего часов занятий семинарского типа во второй части курса		14
Итого часов занятий семинарского типа			32

ПП – практическая подготовка

Рассмотрено на заседании кафедры фармакологии и биоинформатики
Протокол заседания кафедры №18 от 11.06.2026 г.

Заведующий кафедрой



А.А.Спасов