

**Тематический план занятий семинарского типа
по дисциплине «Биоинформатика»
для обучающихся 2025 года поступления
по образовательной программе
06.03.01 Биология,
направленность (профиль) Биохимия / направленность (профиль) Генетика
(бакалавриат),
форма обучения очная
на 2026-2027 учебный год**

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

	определенного белка.		
9.	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	2
10.	Банк данных экспериментальных моделей PDB. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
11.	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
12.	Построение 3D-моделей молекул. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
13.	Оценка аффинности лигандов методом докинга. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
14.	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
15.	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
16.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
17.	Заключительное занятие по первой части курса Биоинформатика. Защита рефератов.		2
	Всего часов занятий семинарского типа в первой части курса		34
4 семестр			
18.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-	ПП	2

	моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.		
19.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
20.	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	2
21.	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	2
22.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
23.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
24.	Программа ITMO de novo Genome Assembler. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
25.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
26.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
27.	Работа с геномным браузером IGSR. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
28.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-	ПП	2

	моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.		
29.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. Часть 2. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
30.	Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
31.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1. Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.	ПП	2
32.	“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	2
33.	Заключительное занятие по курсу Биоинформатика. Защита рефератов.		2
	Всего часов занятий семинарского типа во второй части курса		32
	Итого		66

ПП – практическая подготовка

Рассмотрено на заседании кафедры фармакологии и биоинформатики

Протокол заседания кафедры №18 от 11.06.2026 г.

Заведующий кафедрой



А.А.Спасов