

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Ястребов Олег Александрович
Должность: Ректор
Дата подписания: 28.05.2025 10:30:45
Уникальный программный ключ:
sa953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

**Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»
Институт фармации и биотехнологии**
(наименование основного учебного подразделения (ОУП)-разработчика ОП ВО)

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ

(наименование дисциплины/модуля)

Рекомендована МССН для направления подготовки/специальности:

33.04.01 ПРОМЫШЛЕННАЯ ФАРМАЦИЯ

(код и наименование направления подготовки/специальности)

Освоение дисциплины ведется в рамках реализации основной профессиональной образовательной программы высшего образования (ОП ВО):

БИОФАРМАЦЕВТИЧЕСКИЕ ТЕХНОЛОГИИ И УПРАВЛЕНИЕ ФАРМПРОИЗВОДСТВОМ

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

2025 г.

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Introduction to Bioinformatics» входит в программу магистратуры «Биофармацевтические технологии и управление фармпроизводством» по направлению 33.04.01 «Промышленная фармация» и изучается в 3 семестре 2 курса. Дисциплину реализует Кафедра фармации и биотехнологии. Дисциплина состоит из 11 разделов и 42 тем и направлена на изучение основ биоинформатики, современных методов анализа биологических последовательностей, структур белков, данных экспрессии генов и регуляторных элементов геномов.

Целью освоения дисциплины является вооружение студентов знаниями и навыками, необходимыми для использования инструментов и методов биоинформатики для анализа биологических данных, понимания молекулярных процессов и получения представления о геномной, протеомной и транскриптомной информации. К концу курса студенты должны уметь применять методологии биоинформатики для решения исследовательских вопросов, интерпретации биологических данных и принятия обоснованных решений в соответствующих областях знаний.

2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Введение в биоинформатику» направлено на формирование у обучающихся следующих компетенций (части компетенций):

Таблица 2.1. Перечень компетенций, формируемых у обучающихся при освоении дисциплины (результаты освоения дисциплины)

Шифр	Компетенция	Индикаторы достижения компетенции (в рамках данной дисциплины)
ПК-5	Способен применять методы статистического управления качеством, статистические методы, применяемые при оценке результатов испытаний технологических процессов и валидации	ПК-5.2 Использует современные способы поиска и анализа информации биологических данных и химии лекарственных средств;

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Введение в биоинформатику» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений блока 1 «Дисциплины (модули)» образовательной программы высшего образования.

В рамках образовательной программы высшего образования обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Введение в биоинформатику».

Таблица 3.1. Перечень компонентов ОП ВО, способствующих достижению запланированных результатов освоения дисциплины

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
ПК-5	Способен применять методы статистического управления качеством, статистические методы,	Основы экономики для фармацевтического предприятия**; Статистические методы	

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
	применяемые при оценке результатов испытаний технологических процессов и валидации	<i>управления качеством**</i> ; Принципы контроля качества лекарственных средств; Разработка и регистрация лекарственных средств;	

* - заполняется в соответствии с матрицей компетенций и СУП ОП ВО

** - элективные дисциплины /практики

4. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ

Общая трудоемкость дисциплины «Introduction to Bioinformatics» составляет «3» зачетные единицы.

Таблица 4.1. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для очной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)
			3
Контактная работа, ак.ч.	30		30
Лекции (ЛК)	10		10
Лабораторные работы (ЛР)	10		10
Практические/семинарские занятия (СЗ)	10		10
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	51		51
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	27		27
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	108	108
	зач.ед.	3	3

Общая трудоемкость дисциплины «Introduction to Bioinformatics» составляет «3» зачетные единицы.

Таблица 4.2. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для заочной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)
			3
Контактная работа, ак.ч.	20		20
Лекции (ЛК)	12		12
Лабораторные работы (ЛР)	0		0
Практические/семинарские занятия (СЗ)	8		8
Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.	84		84
Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.	4		4
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	108	108
	зач.ед.	3	3

5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 5.1. Содержание дисциплины (модуля) по видам учебной работы

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (темы)		Вид учебной работы*
Раздел 1	Введение в биоинформатику и базы данных NCBI	1.1	Обзор ресурсов NCBI, структура и взаимосвязь различных баз данных	ЛК, ЛР, СЗ
		1.2	Поиск информации в базах данных NCBI (GQuery/NCBI Search)	ЛК, ЛР, СЗ
		1.3	Поиск последовательностей с помощью BLAST	ЛК, ЛР, СЗ
		1.4	Структура GenBank-записи, форматы представления последовательностей	ЛК, ЛР, СЗ
		1.5	Понятия гомологии, ортологии и паралогии	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 2	Расширенные возможности BLAST и сравнительная геномика	2.1	Различные типы BLAST-поиска (BlastP, PSI-Blast, Translated Blast)	ЛК, ЛР, СЗ
		2.2	Матрицы замен, их выбор и принципы построения	ЛК, ЛР, СЗ
		2.3	Точечные матрицы для сравнения последовательностей	ЛК, ЛР, СЗ
		2.4	Геномные браузеры и идентификация ортологичных генов	ЛК, ЛР, СЗ
		2.5	Понятие синтении и ее значение в сравнительной геномике	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 3	Множественное выравнивание последовательностей	3.1	Методы построения множественных выравниваний: Clustal, MUSCLE, MAFFT	ЛК, ЛР, СЗ
		3.2	Анализ консервативных и вариабельных регионов в выравниваниях	ЛК, ЛР, СЗ
		3.3	Практическое применение множественных выравниваний	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 4	Филогенетический анализ	4.1	Терминология и основные концепции филогенетических деревьев	ЛК, ЛР, СЗ
		4.2	Методы построения деревьев: дистанционные и символьные	ЛК, ЛР, СЗ
		4.3	Модели эволюции последовательностей	ЛК, ЛР, СЗ
		4.4	Построение филогенетических деревьев методами ближайшего соседа и максимального правдоподобия	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 5	Анализ селекционного давления	5.1	Типы селекционного давления и их биологическое значение	ЛК, ЛР, СЗ
		5.2	Расчет и интерпретация значений dN/dS	ЛК, ЛР, СЗ
		5.3	Выявление сайтов под позитивным, негативным и нейтральным отбором с помощью DataMonkey	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 6	Анализ данных RNA-Seq и метагеномика	6.1	Технологии секвенирования нового поколения (NGS)	ЛК, ЛР, СЗ
		6.2	Принципы сборки и анализа данных RNA-Seq	ЛК, ЛР, СЗ
		6.3	Анализ экспрессии генов и альтернативного сплайсинга	ЛК, ЛР, СЗ
		6.4	Основы метагеномики и ее применение для анализа микробных сообществ	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 7	Анализ белковых мотивов	7.1	Консервативные участки белковых семейств и их значение	ЛК, ЛР, СЗ
		7.2	Способы описания консервативных участков: регулярные выражения, профили, скрытые марковские модели	ЛК, ЛР, СЗ
		7.3	Использование баз данных CDD, CDART,	ЛК, ЛР,

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (темы)		Вид учебной работы*
			SMART, Pfam, InterProScan для идентификации функциональных доменов	СЗ
Раздел 8	Белок-белковые взаимодействия	8.1	Экспериментальные методы определения белок-белковых взаимодействий	ЛК, ЛР, СЗ
		8.2	Базы данных белок-белковых взаимодействий (DIP, BioGRID)	ЛК, ЛР, СЗ
		8.3	Визуализация и анализ сетей взаимодействий с помощью Cytoscape	ЛК, ЛР, СЗ
		8.4	Обогащение по категориям Gene Ontology	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 9	Структурная биоинформатика	9.1	Основные методы определения структуры белков	ЛК, ЛР, СЗ
		9.2	Работа с Protein Data Bank (PDB)	ЛК, ЛР, СЗ
		9.3	Поиск структурного сходства с помощью VAST	ЛК, ЛР, СЗ
		9.4	Визуализация и анализ структур белков с помощью PyMOL	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 10	Анализ экспрессии генов	10.1	Технологии создания данных по экспрессии генов	ЛК, ЛР, СЗ
		10.2	Нормализация и анализ данных экспрессии генов	ЛК, ЛР, СЗ
		10.3	Кластеризация и выявление ко-экспрессирующихся генов	ЛК, ЛР, СЗ
		10.4	Использование баз данных экспрессии и онлайн-инструментов	ЛК, ЛР, СЗ
Раздел 11	Регуляторные элементы в геномах	11.1	Цис-регуляторные элементы и их роль в регуляции экспрессии генов	ЛК, ЛР, СЗ
		11.2	Методы идентификации известных цис-элементов	ЛК, ЛР, СЗ
		11.3	Предсказание новых регуляторных элементов	ЛК, ЛР, СЗ

* - заполняется только по **ОЧНОЙ** форме обучения: ЛК – лекции; ЛР – лабораторные работы; СЗ – практические/семинарские занятия.

6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 6.1. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Тип аудитории	Оснащение аудитории	Специализированное учебное/лабораторное оборудование, ПО и материалы для освоения дисциплины (при необходимости)
Лекционная	Аудитория для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект

		специализированной мебели; технические средства: Мультимедийный проектор Everycom Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3-2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB, Обеспечен выход в интернет.
Компьютерный класс	Компьютерный класс для проведения занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная персональными компьютерами (в количестве 20 шт.), доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	
Семинарская	Аудитория для проведения занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная комплектом специализированной мебели и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Мультимедийный проектор Everycom Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3-2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB, Обеспечен выход в интернет.
Для самостоятельной работы	Аудитория для самостоятельной работы обучающихся (может использоваться для проведения семинарских занятий и консультаций), оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютерами с доступом в ЭИОС.	Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Мультимедийный

		проектор Everycom Ноутбук Lenovo Thinkpad L530 Intel Core i3- 2370M_2.4GHz/DDR3 4 GB, Обеспечен выход в интернет.
--	--	--

* - аудитория для самостоятельной работы обучающихся указывается **ОБЯЗАТЕЛЬНО!**

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература:

1. Компо, Ф. Алгоритмы биоинформатики / Ф. Компо, П. Певзнер ; перевод с английского И. Л. Люско.. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 682 с. — ISBN 978-5-93700-175-7. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/314972>

2. Часовских Н.Ю. Биоинформатика : учебник / Н. Ю. Часовских. - Электронные текстовые данные. - Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. : ил. URL: https://lib.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link_FindDoc&id=497943&idb=0

Дополнительная литература:

1. Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 1 — 2019. — 135 с. — ISBN 978-5-98591-145-9. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/138707>

2. Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 2 — 2019. — 126 с. — ISBN 978-5-98591-147-3. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/138708>

3. Введение в биоинформатику / А. Леск ; Пер. с англ. под ред. А.А.Миронова, В.К.Шведаса. - М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. : ил. - ISBN 978-5-94774-501-6 : 0.00.

Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

1. ЭБС РУДН и сторонние ЭБС, к которым студенты университета имеют доступ на основании заключенных договоров

- Электронно-библиотечная система РУДН – ЭБС РУДН

<http://lib.rudn.ru/MegaPro/Web>

- ЭБС «Университетская библиотека онлайн» <http://www.biblioclub.ru>

- ЭБС Юрайт <http://www.biblio-online.ru>

- ЭБС «Консультант студента» www.studentlibrary.ru

- ЭБС «Троицкий мост»

2. Базы данных и поисковые системы

- электронный фонд правовой и нормативно-технической документации

<http://docs.cntd.ru/>

- поисковая система Яндекс <https://www.yandex.ru/>

- поисковая система Google <https://www.google.ru/>

- реферативная база данных SCOPUS

<http://www.elsevierscience.ru/products/scopus/>

Учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся при освоении дисциплины/модуля:*

1. Курс лекций по дисциплине «Введение в биоинформатику».

* - все учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся размещаются в соответствии с действующим порядком на странице дисциплины **в ТУИС!**

РАЗРАБОТЧИК:

Доцент

Должность, БУП

Подпись

Кезимана Парфэ

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:

Должность БУП

Подпись

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Директор ИФиБ

Должность, БУП

Подпись

Ромашенко Виктория
Александровна

Фамилия И.О.