

**Тематический план занятий семинарского типа
по дисциплине «Цифровые
технологии в биологии»
для обучающихся 2025 года поступления
по образовательной программе
06.04.01 Биология,
направленность (профиль) Молекулярная биология,
(магистратура),
форма обучения очная
2025-2026 учебный год**

№	Тематические блоки	Практическая подготовка в рамках тематического блока ³	Часы (академ.) ⁴
1 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 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	2
2.	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 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	2

3.	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.} 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	2
4.	Моделирование третичной структуры белков по гомологии. База данных теоретических моделей ModBase.^{1.} Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка.^{2.}	ПП	2
5.	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	2
6.	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
7.	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	2

8.	Заключительное занятие по первой части курса Биоинформатика. ^{1.} Защита рефератов. ^{2.}	ПП	2
9.	Зачетное занятие	ПП	2
	Всего часов занятий семинарского типа в первой части курса	ПП	18
2 семестр			
10.	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.} 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	2
11.	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.} 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	2
12.	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 определенного белка. ^{2.}	ПП	2

13.	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 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
14.	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 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
15.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1. “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
16.	Зачетное занятие	—	2
	Всего часов занятий семинарского типа во второй части курса		14
Итого			32

¹ – тема семинарского занятия

² – сущностное содержание семинарского занятия

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 от «31» мая 2025 г. № 18.

Заведующий кафедрой



А.А. Спасов