

**Тематический план занятий семинарского типа  
по дисциплине «Цифровые  
технологии в биологии»  
для обучающихся 2024 года поступления  
по образовательной программе  
06.04.01 Биология,  
профиль Молекулярная биология,  
магистратура,  
форма обучения очная  
2024-2025 учебный год**

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

	3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	
7.	Моделирование третичной структуры белков по гомологии. База данных теоретических моделей ModBase. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	2
8.	Построение 3D-моделей молекул. Оценка аффинности лигандов методом докинга. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	2
9.	QSAR-анализ аффинности лигандов. Сравнение химических структур. База данных лекарственных лигандов DrugBank. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	2
10.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 1. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	2
11.	Заключительное занятие по первой части курса Биоинформатика. <sup>1.</sup> Защита рефератов. <sup>2.</sup>	2
12.	Зачетное занятие	2
	Всего часов занятий семинарского типа в первой части курса	18
	2 семестр	
13.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. Часть 2. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
14.	Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 1. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
15.	Номенклатура генома человека.HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 2. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка.	1

	Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	
16.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 1. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
17.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 2. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
18.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
19.	Работа с геномным браузером IGSR. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
20.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
21.	Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
22.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1.	1
23.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 2. <sup>1.</sup> Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. <sup>2.</sup>	1
24.	Заключительное занятие по курсу Биоинформатика. <sup>1.</sup> Защита рефератов. <sup>2.</sup>	1


25.	Зачетное занятие	2
	Всего часов занятий семинарского типа во второй части курса	14
Итого часов занятий семинарского типа		32

<sup>1</sup> – тема семинарского занятия

<sup>2</sup> – сущностное содержание семинарского занятия

Рассмотрено на заседании кафедры фармакологии и биоинформатики «26» апреля 2024 г., протокол №14

Заведующий кафедрой  
фармакологии и биоинформатики  
академик РАН, З.д.н. РФ,  
д.м.н., профессор



А.А. Спасов