

**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. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ²	1
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	1
3.	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	1
4.	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	1
5.	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	1
6.	Программы 3D-визуализации пространственных структур белков. Банк данных экспериментальных моделей PDB. ¹ Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск	1

	3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ^{2.}	
7.	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.}	2
8.	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.}	2
9.	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.}	2
10.	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.}	2
11.	Заключительное занятие по первой части курса Биоинформатика. ^{1.} Защита рефератов. ^{2.}	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. ^{1.} Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ^{2.}	1
14.	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.}	1
15.	Номенклатура генома человека. HUGO Gene Nomenclature Committee. Часть 2. ^{1.} Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка.	1

	Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ^{2.}	
16.	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.}	1
17.	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.}	1
18.	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.}	1
19.	Работа с геномным браузером IGSR. ^{1.} Сравнение аминокислотных последовательностей определенного белка. Поиск 3D-моделей определенного белка. Выделение и анализ сайта связывания определенного белка. ^{2.}	1
20.	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.}	1
21.	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.}	1
22.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. Часть 1.	1
23.	“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.}	1
24.	Заключительное занятие по курсу Биоинформатика. ^{1.} Защита рефератов. ^{2.}	1

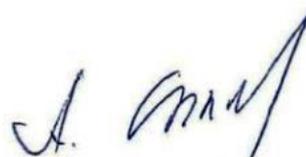
25.	Зачетное занятие	2
	Всего часов занятий семинарского типа во второй части курса	14
Итого часов занятий семинарского типа		32

¹ – тема семинарского занятия

² – 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