

**Тематический план самостоятельной работы  
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**

№ п/п	Тема самостоятельной работы	Часы (академ.)
1 семестр		
1.	Способы записи данных о структуре макромолекул. Сохранение данных. Поиск информации в сети Интернет. PubMed. <sup>1,2.</sup>	4
2.	База знаний по белкам UniProtKB. Банк данных по нуклеотидным последовательностям GenBank. <sup>1,2.</sup>	4
3.	Парное и множественное выравнивание. Программа Clustal. <sup>1,2.</sup>	2
4.	Поиск гомологичных структур для заданной последовательности. Система BLAST. <sup>1,2.</sup>	2
5.	Построение филогенетических деревьев. Анализ пространственных структур белков. Поиск доменов. <sup>1,2.</sup>	4
6.	Программы 3D-визуализации пространственных структур белков. Банк данных экспериментальных моделей PDB. <sup>1,2.</sup>	4
7.	Моделирование третичной структуры белков по гомологии. База данных теоретических моделей ModBase. <sup>1,2.</sup>	4
8.	Построение 3D-моделей молекул. Оценка аффинности лигандов методом докинга. <sup>1,2.</sup>	4
9.	QSAR-анализ аффинности лигандов. Сравнение химических структур. База данных лекарственных лигандов DrugBank. <sup>1,2.</sup>	4
10.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. <sup>1,2.</sup>	2
11.	Геномные, протеомные и метаболомные базы данных. KEGG. <sup>1,2.</sup>	2
	Всего часов самостоятельной работы обучающегося в первой части курса	36
2 семестр		
12.	Номенклатура генома человека. HUGO Gene Nomenclature Committee. <sup>1,2.</sup>	4
13.	Номенклатура генома человека. HUGO Gene Nomenclature Committee. <sup>1,2.</sup>	4
14.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. <sup>1,2.</sup>	4
15.	Расшифровка результатов секвенирования ДНК. Программа ITMO de novo Genome Assembler. Часть 2. <sup>1,2.</sup>	4
16.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). <sup>1,2.</sup>	4
17.	База данных геномов человека IGSR: The International Genome Sample Resource (1000 Genoms). <sup>1,2.</sup>	4
18.	Работа с геномным браузером IGSR. <sup>1,2.</sup>	2
19.	Работа с геномным браузером IGSR. <sup>1,2.</sup>	2
20.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. <sup>1,2.</sup>	4
21.	База данных однонуклеотидных полиморфизмов GWAS Catalog. <sup>1,2.</sup>	4
22.	Оценка риска развития заболеваний. Программа PLINK. <sup>1,2.</sup>	4

23.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. <sup>1,2.</sup>	2
24.	“Omics” технологии. Визуализация биологических сетей. Программа Cytoscape. <sup>1,2.</sup>	2
	<p>На первом семинарском занятии студенты знакомятся с примерным списком тем рефератов для самостоятельной работы (СРС). Темы УИРС даются в контексте тематики дисциплины в целом и в контексте тематики конкретного семинарского занятия.</p> <p>Поэтому студент имеет возможность во время проведения семинарского занятия получить консультацию по проблемным и недостаточно понятным вопросам. Студент выбирает конкретную тему и самостоятельно готовится по ней. Во время подготовки студент самостоятельно изучает литературу, пишет реферат.</p> <p>В конце изучения дисциплины студент публично защищает выбранную тему. После изложения фактического материала студент отвечает на возникшие вопросы. За СРС каждый студент получает оценку с внесением последней в журнал успеваемости.</p> <p>Форма реферата традиционна.</p>	
	Всего часов самостоятельной работы обучающегося во второй части курса	44
	Итого часов самостоятельной работы обучающегося	80

<sup>1</sup> – тема самостоятельной работы

<sup>2</sup> – сущностное содержание самостоятельной работы

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