

ГОУ ВПО РОССИЙСКО-АРМЯНСКИЙ (СЛАВЯНСКИЙ) УНИВЕРСИТЕТ

Составлен в соответствии с
государственными требованиями к
минимуму содержания и уровню
подготовки выпускников по
указанному направлению 06.05.01.
Биоинженерия и биоинформатика и
Положением «Об УМКД РАУ».

УТВЕРЖДАЮ:

Директор А.А. Аракелян



06 2021 г.

протокол № 5

Институт: Биомедицины и Фармации

Кафедра: Биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии

Специальность: 06.05.01. Биоинженерия и биоинформатика

АВТОР: д.б.н. Назарян Карен Бабкенович

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ КОМПЛЕКС

Дисциплина: Базы данных и основные методы биоинформатики

ЕРЕВАН

1. Аннотация:

Последнее десятилетие характеризуется бурным развитием информационной биологии. Новая дисциплина биоинформатика, является логическим развитием информационного бума в молекулярной биологии, последовавшей за расшифровкой генома человека. На основе секвенирования генома человека и многих иных организмов, возникла необходимость создания специализированных баз данных, в основном, для хранения, переработки и использования информации, накопленных в результате секвенирования ДНК. В настоящее время организованы десятки универсальных и специализированных баз данных, работе с которыми и посвящена данная дисциплина.

2. Требования к исходным уровням знаний и умений студентов:

Для успешного освоения дисциплины необходимы базовые знания по молекулярной и клеточной биологии, генетике, информатике, биохимии, умение к статистической обработке материала, владение компьютерными статистическими программами.

3. Цель и задачи дисциплины:

Цель дисциплины:

Целью дисциплины является получение базовых знаний о принципах и методах поиска и обработки с большим массивом биологической информации.

Задачи дисциплины:

- освоение необходимых сведений по методам работы с биоинформатическими базами данных;
- освоение основных приемов поиска и обработки биологической информации.

4. Требования к уровню освоения содержания дисциплины

После прохождения дисциплины студент должен:

- **Знать:** базовые представления о принципах и методах сбора и обработки массива биологических данных
- **Уметь:** усваивать принципы и методы сбора, анализа и обработки больших объемов биологической информации.
- **Владеть:** методами работы с базами биологических данных.

5. Объем дисциплины и виды учебной работы по рабочему учебному плану

Лекции и практические занятия в виде ответов на тесты, решения задач по нахождению консервативных последовательностей белков и нуклеиновых кислот и определению их функций

Виды учебной работы	Всего часов	Количество часов по семестрам							
		— сем.	— сем.	— сем.	— сем.	5 сем.	— сем.	— сем.	— сем.
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Общая трудоемкость изучения дисциплины по семестрам, в т. ч.:	72					72			
1.1. Аудиторные занятия, в т. ч.:	36					37			
1.1.1. Лекции	18					18			
1.1.2. Практические занятия тренингового типа, в т. ч.									

[illegible]

6. Методика формирования итоговой оценки

Распределение весов по формам контроля и оценки академической успеваемости

Вид учебной работы/контроля	Вес формы текущего контроля в результирующей оценке текущего контроля			Вес формы промежуточного контроля в итоговой оценке промежуточного контроля			Вес итоговых оценок промежуточных контролей в результирующей оценке промежуточного контроля	Вес оценки посещаемости, результирующей оценки промежут. контролей и оценки итог. контроля в результирующей оценке итогового контроля
	M1	M2	M3	M1	M2	M3		
Контрольная работа								
Тест						0.8		
Курсовая работа								

Лабораторные работы								
Письменные домашние задания								
Эссе (реферативного типа)								
Устный опрос (семинар.)			1					
Реферат								
Вес результирующей оценки текущего контроля в итоговых оценках промежут. контролей						0.2		
Вес итоговой оценки 1-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежут. контролей								
Вес итоговой оценки 2-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежут. контролей								
Вес итоговой оценки 3-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежут. контролей т.д.						1		
Вес результирующей оценки промежуточных контролей в резултир. оценке итогов. контроля								1
Экзамен/зачет (оценка итогового контроля)								0
	$\sum = 1$	$\sum = 1$	$\sum = 1$	$\sum = 1$	$\sum = 1$	$\sum = 1$	$\sum = 1$	$\sum = 1$

7. Содержание дисциплины:

7.1. Тематический план (Разделы дисциплины и виды занятий) по учебному плану:

Разделы и темы дисциплины	Всего ак. часов	Лекции, ак. часов	Практ. занятия, ак. часов	Семинары, ак. часов	Лабор, ак. часов	Другие виды занятий, ак. часов
1	3=4+5+6+7+8	4	5	6	7	8
Тема 1. Структура и функции последовательностей нуклеиновых кислот и белков.	4	2	2			
Тема 2. Выравнивание последовательностей различными	8	4	4			

методами и их биологическое значение.						
Тема 3. Инструменты для анализа нуклеотидных и белковых последовательностей.	8	4	4			
Тема 4. Схожесть и гомология биологических последовательностей, виды гомологии, выявление и оценка степени гомологии.	8	4	4			
Тема 5. Источники биологической информации и базы данных в Интернете.	8	4	4			
Итого	36	18	18			

7.2. Содержание разделов и тем дисциплины:

Тема 1. Структура и функции последовательностей нуклеиновых кислот и белков. Набор информации, характеризующий биополимеры (белки, нуклеиновые кислоты). Последовательности аминокислот и нуклеотидов как основная информационная составляющая биоинформатики. Форматы файлов, используемых в биоинформатике. Запись аминокислотных последовательностей. Запись нуклеотидных последовательностей.

Тема 2. Выравнивание последовательностей различными методами и их биологическое значение. Парное и множественное выравнивание последовательностей. Оценка качества сравнительного анализа последовательностей и пространственных структур. Инструменты визуализации.

Тема 3. Инструменты для анализа нуклеотидных и белковых последовательностей. Программные средства и Интернет-сервисы для биоинформационного анализа. Методы dot plot, BLAST и их модификаций. Трансформация последовательностей.

Тема 4. Схожесть и гомология биологических последовательностей, виды гомологии, выявление и оценка степени гомологии. Предсказание свойств биополимеров из их последовательности. Предсказание пептидных профилей белков. Предсказание наличия структурных и функциональных доменов и мотивов. Серверы для поиска доменов. Поиск по сходству доменной структуры. Сравнение пространственных структур белков, поиск сходных и отличающихся фрагментов.

Тема 5. Источники биологической информации и базы данных в Интернете. Форматы описания первичной структуры белков (аминокислотной последовательности). Структурная информация о белках и её машинно-читаемая запись. Сравнение форматов PDB, PDB-XML и MMDB-Cy3D. Файлы формата aln. Другие форматы записи нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, информация о них на ресурсах EMBL-EMBL. Классификация и типы баз данных. Всеобъемлющие, универсальные и комбинированные базы данных. Базы данных по конкретным организмам. Базы данных по типам молекул. Дополнительные базы данных. Высокоспециализированные базы данных. Проблемы баз данных: избыточность, наличие ошибок, проблемы, связанные с открытостью. GenBank – NCBI. База нуклеотидных последовательностей EMBL. База данных по белкам SwissProt. База структурной информации о белках PDB – Protein Data Bank. Встроенные инструменты для работы с базами данных в Интернете. Агрегаторы информации из баз данных и ссылок на ресурсы.

7.3 Примерные темы контрольных работ

1. Форматы файлов, используемых в биоинформатике.
2. Запись аминокислотных последовательностей.
3. Запись нуклеотидных последовательностей.
4. Форматы описания первичной структуры белков

8. Учебно-методическое обеспечение дисциплины

8.1. Рекомендуемая литература:

1. Браун, Т.А. Геномы / Т.А. Браун. – Москва: Институт компьютерных исследований, 2011. – 944 с.
2. Каменская, М.А. Информационная биология / М.А. Каменская – Москва: Академия, 2006. – 368 с.
3. Льюин, Б. Гены / Б. Льюин. – Москва: Бином. Лаборатория знаний, 2012. – 896 с.
4. Нефедова, Л.Н. Применение молекулярных методов исследования в генетике: учебное пособие / Л.Н. Нефедова. – Москва: НИЦ Инфра-М, 2012. – 104 с. [Электронный ресурс] <http://znanium.com/bookread.php?book=302262> (Дата обращения: 01.02.2013).
5. Смирнов, А.В. Мир белковых молекул: учебное пособие / А.В. Смирнов. – Москва: Бином. Лаборатория знаний, 2013. – 124 с. [Электронный ресурс] <http://e.lanbook.com/view/book/56892/> (Дата обращения: 01.02.2013).
6. Уилсон, К. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии / К. Уилсон, Д. Уолкер. – Москва: Бином. Лаборатория знаний, 2013. – 848 с. [Электронный ресурс] <http://e.lanbook.com/view/book/8811/> (Дата обращения: 01.02.2013).
7. Финкельштейн, А.В. Физика белка: курс лекций с цветными стереоскопическими иллюстрациями и задачами / А.В. Финкельштейн, О.Б. Птицын. – Москва: КДУ, 2012. – 524 с.

б) Другие источники

1. Молекулярно-биологические базы данных (список ресурсов) <http://blogbiolog.ru/page/molekulyarno-biologicheskie-bazy-dannyh>
2. ben – BioSciEdNet – National Science Digital Library (NSDL) portal for teaching and learning in the biological sciences.

8.2. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Компьютер, нужны новые
Интернет неадекватен и слаб
Компьютерный проектор.