

Приложение 1
Утверждено Приказом ФИЦ КазНЦ РАН
от 02.12.2025 № 14-АО

Разработано и рекомендовано к утверждению
Ученым советом КИББ ФИЦ КазНЦ РАН
«27» ноября 2025 г., протокол № 9

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

«Биоинформатика»

Составная часть
**ОСНОВНОЙ ПРОФЕССИОНАЛЬНОЙ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ
ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ -
программы подготовки научных и научно-педагогических кадров
в аспирантуре**

Научные специальности

1.5.2. Биофизика

1.5.4. Биохимия

СОДЕРЖАНИЕ

1. Виды учебной деятельности, способ и формы ее проведения, трудоемкость дисциплины.
2. Перечень планируемых результатов обучения.
3. Место дисциплины в структуре образовательной программы.
4. Содержание дисциплины.
5. Учебно-тематический план занятий.
6. Формы текущего контроля, критерии оценки.
7. Перечень учебной литературы и ресурсов сети "Интернет", необходимых для освоения дисциплины.
8. Описание материально-технической базы, необходимой для освоения дисциплины.

1. ВИДЫ УЧЕБНОЙ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ, СПОСОБ И ФОРМЫ ЕЕ ПРОВЕДЕНИЯ, ТРУДОЕМКОСТЬ ДИСЦИПЛИНЫ

Виды учебной деятельности: аудиторные занятия – 27 часов, самостоятельная работа – 92 часа, зачет - 1 час, всего – 120 часов.

Форма проведения аудиторных занятий – лекции, семинары и консультации.

В рамках часов самостоятельной работы по указанию преподавателя аспиранты прорабатывают темы и осваивают теоретические вопросы, излагаемые в лекционном курсе, а также самостоятельно изучают другие вопросы программы.

Формой итогового контроля является зачет.

3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

В результате освоения дисциплины выпускник должен

Знать:

- основные понятия, подходы и методы анализа данных используемые в биоинформатике
- ;
- о связи между аминокислотными и нуклеотидными последовательностями и их функциями;
- форматы представления биоинформатических данных и способы их представления.;
- современные компьютерные технологии используемые в биоинформатике;
- содержимое крупнейших международных интернет ресурсов биомедицинских данных (NCBI, EMBL);

Владеть:

- практическим опытом и навыками использования методов биоинформатики для решения генетических, биохимических и молекулярно-биологических задач;
- практическим опытом и навыками использования компьютерных программ и баз данных для анализа аминокислотных и нуклеотидных последовательностей.
- практическим опытом и навыками представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований
- практическим опытом и навыками анализа биоинформатических данных с использованием современных компьютерных технологий
- Опытном и навыками работы с крупнейшими международными интернет ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL);

Уметь:

- применять основные подходы и методы биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных генетических, биохимических и молекулярно-биологических задач.
- проводить анализ аминокислотных и нуклеотидных последовательностей.
- использовать форматы представления биоинформатических данных для оформления и представления результатов исследований
- проводить анализ биоинформатических данных с использованием современных компьютерных технологий
- использовать крупнейшие международные интернет ресурсы биомедицинских данных (NCBI, EMBL) для решения генетических, биохимических и молекулярно-биологических задач

4. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Дисциплина «Биоинформатика» является элективной и/или факультативной дисциплиной и включена в Блок «Образовательная компонента» основных профессиональных образовательных программ высшего образования – программ подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре по научным специальностям 1.5.2. Биофизика, 1.5.4. Биохимия. Обучение планируется на втором и/или третьем курсе.

Данная дисциплина базируется на знаниях и умениях, выработанных при прохождении общих профессиональных курсов, Иностранный язык, Высшая математика, Основы информационных технологий, Органическая химия, Генетика, Биохимия и «Биоинформатика» спецкурсов в рамках магистерской программы образования или специалитета.

5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основу дисциплины составляют изучение физических принципов, лежащих в основе функционирования клеток, включая механизмы ионного транспорта через мембраны и взаимодействие молекул.

Цели и задачи освоения дисциплины –

Целью дисциплины является получение студентами основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики, о применении методов биоинформатики для решения биологических задач, в том числе, анализа сходства аминокислотных и нуклеотидных последовательностей, компьютерного моделирования и визуализации трёхмерных структур белков, анализ транскриптомных и геномных данных, что позволит в будущем молодым специалистам быстрее и эффективнее включиться в научноисследовательскую работу, а также использовать результаты современных постгеномных технологий в биологии.

1.1.2. Задачи, решаемые в ходе освоения программы дисциплины:

- 1) Изучение и формирование навыков работы с крупнейшими международными интернет ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL, UniProt).
- 2) Формирование системных знаний по биоинформатике, связанных с анализом нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.
- 3) Получение основных навыков по визуализации и моделированию трехмерных структур белков.
- 4) Изучение основных понятий и формирование базовых навыков работы с результатами транскрипторных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения.

5) Формирование базовых навыков использования методов биоинформатики для решения прикладных биологических задач.

6) подготовка аспирантов, обучающихся по программам подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре к сдаче кандидатского экзамена по специальным дисциплинам специальностям 1.5.2. Биофизика и 1.5.4. Биохимия

6. УЧЕБНО-ТЕМАТИЧЕСКИЙ ПЛАН ЗАНЯТИЙ

№ п/п	Наименование темы	Аудит. занятия	Самост. работа	Всего часов
1.	Введение в биоинформатику. История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные изменения генной экспрессии) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).	4	14	18
2.	Парное и множественное выравнивание. Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных	4	13	17

	эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Toffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.			
3.	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция. Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.	4	14	18
4.	Структурная биоинформатика. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трех-мерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям	4	13	17

	аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.			
5.	NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Современные принципы работы с целым геномом. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом	4	13	17
6.	Анализ РНК и экспрессии генов. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экс-прессии генов. Технология RNASeq. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) – базы данных по экспрессии генов. БД EBI: Array Express и Expression Atlas. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо-экспрессируемых генов. Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей). Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния. Статистический анализ микроэкранных данных. Статистический анализ RNASeq данных. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.	4	15	19
7.	Протеомика. Биоинформатика для протеомных исследований. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка. Протеолитические пептиды. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, NeXtProt.	3	10	13
	ЗАЧЕТ	1	-	1
	ВСЕГО	28	92	120

7. ФОРМЫ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ, КРИТЕРИИ ОЦЕНКИ

7.1. Итоговый контроль: формой итогового контроля по дисциплине является Зачет.

Зачет включает обсуждение на основе презентации и краткого доклада обзора литературы по статьям за последние 5 лет в соответствии с темой научного исследования аспиранта.

7.2. Критерии оценки итогового контроля:

Оценка	Требования к знаниям и критерии выставления оценок:
зачтено	Аспирант при ответе демонстрирует знание тем учебной дисциплины, владеет основными понятиями и терминами, знает особенности развития соответствующей области науки, имеет представление о специфике объектов исследований. Информирован о современных направлениях

	работ, ознакомлен с содержанием основных литературных источников, способен делать анализ проблем и намечать пути их решения.
не зачтено	Аспирант демонстрирует плохое знание большей части основного материала в соответствующей области науки. Не информирован или слабо разбирается в проблемах, и не в состоянии наметить пути их решения.

8. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

8.1. Литература

1. Введение в биоинформатику [Текст] : [учеб. для вузов] / А. Леск ; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядоса. - 2-е изд. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. - 318 с.
2. Введение в биоинформатику [Текст] : [учеб. для вузов] / А. Леск ; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядоса. - 2-е изд. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. - 318 с.

8.2. Дополнительная литература

1. Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт. — 2020. — 252 с.
2. Ригден Д.Дж. Структура и функционирование белков: Применение методов БИОИНФОРМАТИКИ. М.:URSS. — 2014.
3. Baxevanis A.D., B. F. Francis Oulette. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Second Edition. Wiley-Interscience, 2001
4. Глик, Бернард. Молекулярная биотехнология: Принципы и применение / Б. Глик, Д. Пастернак; Пер. с англ.: Н.В. Баскаковой и др. под ред. Н.К. Янковского.-М.: Мир, 2002.-589с.
5. Нефедов, Евгений Иванович. Современная биоинформатика / Е.И. Нефедов, Т.И. Субботина, А.А. Яшин.-Москва: Горячая линия - Телеком, 2005.- 272 с.: ил.; 21.- Библиогр.: с. 266-270.
4. Б. Глик, Дж. Пастернак Молекулярная биотехнология. Принципы и применение DJVU, 589 стр., 2002 г.

8.3. Электронные ресурсы

1. <http://eor.edu.ru> – портал электронных образовательных ресурсов
2. <http://www.elibrary.ru> – сайт научной электронной библиотеки
3. www.studmedlib.ru – сайт электронной библиотеки студента «Консультант студента»
4. <http://mon.gov.ru> – сайт Минобрнауки РФ
5. <http://www.edu.ru/> – библиотека федерального портала «Российское образование» (содержит каталог ссылок на интернет-ресурсы, электронные библиотеки по различным вопросам образования)
6. <http://www.prilib.ru> – сайт Президентской библиотеки
7. <http://www.rusneb.ru> – сайт национальной электронной библиотеки
8. ChEMBL – экспериментальные данные об активности низкомолекулярных веществ <https://www.ebi.ac.uk/chembl/>
9. UCSC (<https://genome.ucsc.edu/>) – геномный браузер UCSC
10. NCBI dbGaP – данные о генотипах и фенотипах <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gap>
11. NCBI EST – ярлыки экспрессированных последовательностей <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucest/>
12. NCBI Gene – информация о генах <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>
13. Genome Project – информация о проекте Геном <https://www.genome.gov/10001772/all-about-the--human-genome-project-hgp/>
14. NCBI Genome –целые геномные последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>
15. NCBI GEO DataSets – экспериментальные множества экспрессий БД GEO <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gds>

16. NCBI GEO Profiles – экспрессионные профили <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geoprofiles/>
17. NCBI HomoloGene – эукариотические гомологичные группы <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/homologene>
18. KEGG – коллекция баз данных по сигнальным и регуляторным путям <http://www.genome.jp/kegg/>
19. NCBI Nucleotide – набор нуклеотидных последовательностей <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide>
20. OMIM – менделевское наследование признаков у людей <http://www.omim.org/>
21. PFAM – семейства белков с аннотациями и множественным выравниванием последовательностей сгенерированном с использованием скрытых марковских моделей <http://pfam.xfam.org/>
22. PROSITE – белковые семейства и домены <http://prosite.expasy.org/>
23. NCBI Protein – белковые последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein>
24. Protein Data Bank (PDB) – база данных по 3D структурам макромолекул <http://www.rcsb.org>
25. PubChem – биоактивные химические соединения <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>
26. PubMed – биомедицинская литература, цитаты и абстракты <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>
27. Reactome – регуляторные и сигнальные пути <http://www.reactome.org/>
28. NCBI RefSeq – референтные последовательности <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/>
29. NCBI ClinVar – связь геномных вариаций со здоровьем человека <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/>
30. NCBI dbSNP – единичные полиморфизмы <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP/>
31. NCBI Structure – трехмерные макромолекулярные структуры <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure>
32. NCBI Taxonomy – систематика организмов, представленных в GeneBank <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>
33. NCBI UniGene – кластеры последовательностей транскриптов <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/unigene>
34. UniProt – информация о белках <http://www.uniprot.org/>
35. Базы данных European Bioinformatics Institute (EBI) <http://www.ebi.ac.uk/>

9. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Аудиторные занятия, самостоятельная работа по освоению дисциплины и подготовка к сдаче зачета и кандидатского экзамена проводятся в специальных помещениях (читальный зал научной библиотеки, лабораторные комнаты), оборудованных мебелью (столы, стулья), компьютерами с доступом к сети Интернет, демонстрационным оборудованием.