

РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«МОСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ  
ИМЕНИ М.В.ЛОМОНОСОВА»

ВЫСШАЯ ШКОЛА УПРАВЛЕНИЯ И ИННОВАЦИЙ

Утверждено  
на заседании Совета факультета  
«Высшая школа управления и инноваций»  
Протокол № 05 от 21.03.16 г.  
Председатель Совета

  
В.В. Печковская

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ**  
**Введение в биоинженерию и биоинформатику**

Направление подготовки 27.03.05. «Инноватика»  
Квалификация выпускника Бакалавр

Составители: д.б.н., Александрова А.В.

Рецензенты:

1. Колотилова Наталья Николаевна, д.б.н., профессор кафедры микробиологии МГУ имени М.В.Ломоносова.
2. Морозова Мария Андреевна, Директор по оценке и развитию персонала АФК «Система».

«Введение в биоинженерию и биоинформатику», учебная дисциплина относится к естественно-научному блоку Вариативной части учебного плана.

#### **Аннотация рабочей программы дисциплины**

Дисциплина «Введение в биоинженерию и биоинформатику» опирается на основные знания и представления биохимии, молекулярной биологии, генетики, использует методы прикладной математики, статистики и информатики в молекулярно-биологических исследованиях. Подготовка по дисциплине даёт возможность получить теоретическую базу и практические навыки использования компьютерных технологий для обработки экспериментальных данных по структуре биологических макромолекул с целью получения биологически важной информации. Дисциплина реализует математические алгоритмы, связанные с биологическими объектами, применяет экспериментальные и расчетные данные физико-химической биологии, геномики и протеомики. Предмет является междисциплинарным и изучается после указанных курсов, что логично развивает приобретённые ранее знания и умения.

Рабочая программа составлена на основании Образовательного стандарта, самостоятельно устанавливаемый МГУ имени М.В.Ломоносова для реализуемых основных образовательных программ высшего образования по направлению подготовки 27.03.05. – «Инноватика» уровень высшего образования бакалавр и 27.04.05.- «Инноватика» уровень высшего образования магистр, утвержденного Приказом по МГУ имени М.В.Ломоносова № 95 от «09 февраля» 2016 г.

Рабочая программа утверждена на заседании Совета факультета «Высшей школы управления и инноваций» протокол № 4 от «05» февраля 2016 г.

Председатель Совета факультета «Высшая школа управления и инноваций»

В.В. Печковская



Рабочая программа с дополнениями и изменениями утверждена на заседании кафедры

\_\_\_\_\_,  
протокол № \_\_\_\_ от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201 \_ г.

Заведующий кафедрой

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ (Ф.И.О.)

Одобрено советом факультета \_\_\_\_\_,

протокол № \_\_\_\_ от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201 \_ г.

Председатель

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ (Ф.И.О.)

Рабочая программа с дополнениями и изменениями утверждена на заседании кафедры

\_\_\_\_\_,  
протокол № \_\_\_\_ от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201 \_ г.

Заведующий кафедрой

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ (Ф.И.О.)

Одобрено Советом факультета \_\_\_\_\_,

протокол № \_\_\_\_ от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201 \_ г.

Председатель

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ (Ф.И.О.)

Рабочая программа с дополнениями и изменениями утверждена на заседании кафедры

\_\_\_\_\_,  
протокол № \_\_\_\_ от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201 \_ г.

Заведующий кафедрой

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ (Ф.И.О.)

Одобрено Советом факультета \_\_\_\_\_,

протокол № \_\_\_\_ от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201 \_ г.

Председатель

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ (Ф.И.О.)

**СОДЕРЖАНИЕ**

<b>СОДЕРЖАНИЕ</b> .....	<b>4</b>
<b>I. ОРГАНИЗАЦИОННО-МЕТОДИЧЕСКИЙ РАЗДЕЛ</b> .....	<b>5</b>
Цель дисциплины .....	5
Учебные задачи дисциплины.....	5
Место дисциплины в структуре ООП ВО .....	5
Требования к результатам освоения дисциплины.....	5
Формы контроля.....	7
<b>II. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ</b> .....	<b>7</b>
<b>III. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ</b> .....	<b>8</b>
<b>IV. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ</b> .....	<b>9</b>
Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины.....	9
Перечень информационных технологий.....	10
Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины .....	10
Материально-техническое обеспечение дисциплины.....	10
<b>V. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ</b> .....	<b>10</b>
Тематика курсовых работ .....	10
Темы рефератов .....	11
Темы практических работ .....	11
Вопросы для текущего контроля успеваемости.....	11
Темы докладов .....	13
Примеры тестов для контроля знаний .....	13
Вопросы к зачету .....	16
<b>VI. ТЕМАТИЧЕСКИЙ ПЛАН ИЗУЧЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ</b> .....	<b>17</b>
Объем дисциплины и виды учебной работы .....	17
Разделы дисциплин и виды занятий.....	18
<b>Приложение 1. ФОРМА БИЛЕТА К ЗАЧЕТУ</b> .....	<b>19</b>
<b>Приложение 2. СИСТЕМА РЕЙТИНГОВОЙ ОЦЕНКИ И КОНТРОЛЯ ЗНАНИЙ СТУДЕНТОВ</b> .....	<b>20</b>

## I. ОРГАНИЗАЦИОННО-МЕТОДИЧЕСКИЙ РАЗДЕЛ

### Цель дисциплины

Цель освоения дисциплины заключается в формировании у обучающихся представления о биоинженерии и биоинформатике, соответствующих вычислительных методах, осуществлении экспериментальных работ по молекулярной биологии, биохимии, генетике, вирусологии, а также разработке алгоритмов компьютерного анализа данных геномики и протеомики, программ, позволяющих предсказывать пространственную структуру биополимеров.

### Учебные задачи дисциплины

Задачами дисциплины являются:

- изучение основных методов исследования биологических макромолекул и анализа биологических данных;
- формирование знаний о принципах генетической инженерии и ее использовании в биотехнологии;
- ознакомление и развитие умений использования современной аппаратуры и оборудования для выполнения биологических лабораторных и научно-исследовательских работ;
- формирование навыков использования методов получения, хранения, переработки биологической информации;
- обучение методам разработки программного обеспечения для управления биологическими данными.

### Место дисциплины в структуре ООП ВО

Дисциплина «Введение в биоинженерию и биоинформатику» изучается на 2 курсе (4 семестр) и входит в вариативную часть естественнонаучного цикла. Курс опирается на основные знания и представления о биохимии, молекулярной биологии, генетике. В рамках изучения дисциплины студенты используют методы прикладной математики, статистики и информатики в молекулярно-биологических исследованиях. Читается на 2 курсе (4 семестр).

Подготовка по дисциплине даёт возможность получить теоретическую базу и практические навыки использования компьютерных технологий для обработки экспериментальных данных по структуре биологических макромолекул с целью получения биологически важной информации. Дисциплина реализует математические алгоритмы, связанные с биологическими объектами, применяет экспериментальные и расчетные данные физико-химической биологии, геномики и протеомики. Предмет является междисциплинарным и изучается после указанных курсов, что логично развивает приобретённые ранее знания и умения.

Изучение дисциплины «Введение в информатику» базируется на знаниях и умениях, полученных студентами в процессе изучения естественнонаучных дисциплин, таких как «Математика», «Физика», «Химия», «Биология», «Информационные технологии и компьютерное моделирование».

### Требования к результатам освоения дисциплины

В результате освоения дисциплины формируются следующие общекультурные и профессиональные компетенции:

#### Универсальные компетенции

##### а) общенаучные:

- обладание знаниями о предмете и объектах изучения, методах исследования, современных концепциях, достижениях и ограничениях естественных наук
- обладание знаниями о предмете и объектах изучения, методах исследования, современных концепциях, достижениях и ограничениях естественных наук: физики, химии, биологии, наук о земле и человеке, экологии; владение основами методологии научного познания различных уровней организации материи, пространства и времени; умение, используя междисциплинарные системные связи наук, самостоятельно выделять и решать основные мировоззренческие и методологические

естественнонаучные и социальные проблемы с целью планирования устойчивого развития (ОНК-1);

- владение методологией научных исследований в профессиональной области (ОНК-4);
- способность создавать математические модели типовых профессиональных задач и интерпретировать полученные математические результаты, владение знаниями об ограничениях и границах применимости моделей (ОНК-5);
- владение фундаментальными разделами математики, необходимыми для решения научно-исследовательских и практических задач в профессиональной области (ОНК-6).

*б) инструментальные:*

- владение навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования ресурсов Интернет, владение основными методами, способами и средствами получения, хранения, переработки информации (ИК-3);
- способность использовать современную вычислительную технику и специализированное программное обеспечение в научно-исследовательской работе (ИК-4);
- владение основными методами защиты производственного персонала и населения от возможных последствий аварий, катастроф, стихийных бедствий (ИК-7);

*в) системные:*

- способствовать к творчеству, порождению инновационных идей, выдвижению самостоятельных гипотез (СК-1);
- способность к поиску, критическому анализу, обобщению и систематизации научной информации, к постановке целей исследования и выбору оптимальных путей и методов их достижения (СК-2);

*в) системные:*

- способствовать к творчеству, порождению инновационных идей, выдвижению самостоятельных гипотез (СК-1);
- способность к поиску, критическому анализу, обобщению и систематизации научной информации, к постановке целей исследования и выбору оптимальных путей и методов их достижения (СК-2).

### **Профессиональные компетенции**

- способность выбрать технологию осуществления научного исследования, оценить затраты и организовать его осуществление; способность выполнить анализ результатов научного эксперимента с использованием соответствующих методов и инструментов обработки (ПК-1);
- способность выбрать метод научного исследования, модифицировать существующие и разработать новые методы, исходя из задач конкретного научного исследования (ПК-2);
- способность применять теории и методы теоретической и прикладной инноватики, систем и стратегий управления, управления качеством инновационных проектов (ПК-3);
- способность представить результат научно-исследовательской работы в виде отчета, реферата, научной статьи, оформленной в соответствии с имеющимися требованиями, с использованием соответствующих инструментальных средств обработки и представления информации (ПК-4);
- способность критически анализировать современные проблемы инноватики, ставить задачи и разрабатывать программы исследований, интерпретировать, представлять и применять полученные результаты (ПК-5);
- способность обосновывать принятие технических решений при разработке проектов, выбирать технические средства и технологии, в том числе с учётом экологических последствий их применения (ПК-14);
- способность разрабатывать проекты реализации инноваций, в том числе формулировать техническое задание, использовать средства автоматизации при проектировании и подготовке производства, составлять, комплект документов по проекту (ПК-16).

В результате освоения дисциплины обучающийся должен:

**Знать:**

- основы биоинформатики, применяемые в практике методы программирования;
- особенности разработки алгоритмов анализа биологических данных большого объема;
- последние достижения и новые разработки в области биоинформатики;
- химию и физику нуклеиновых кислот и белков;

**Уметь:**

- получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации;
- разрабатывать новые программы, используемые для решения задач в области биоинформатики;
- модифицировать известные, и создавать специализированные и общедоступные биоинформационные сайты;
- интерпретировать различные типы биологических данных;
- использовать современное научное оборудование в профессиональной области;

**Владеть:**

- навыками работы с биоинформационными ресурсами;
- методами разработки программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным;
- методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул;
- создание и сопровождение специализированных баз данных.

**Формы контроля**

Контроль за освоением дисциплины осуществляется в каждом дисциплинарном разделе отдельно.

*Рубежный контроль:* контрольные работы и тестирования по отдельным разделам дисциплины.

*Итоговая аттестация во 4 семестре – зачет.*

Результаты текущего контроля и итоговой аттестации формируют рейтинговую оценку работы студента. Распределение баллов по отдельным видам работ в процессе освоения дисциплины «Введение в биоинженерию и биоинформатику» осуществляется в соответствии с Приложением 2.

**II. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ****Введение**

Цели, задачи и методы, основные приложения. Основные понятия. Аминокислоты, строение и свойства. ДНК, РНК, нуклеотиды. Анализ последовательностей.

**Тема 1. Базы данных**

Интернет для биоинформатики. Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB, банки белковых семейств (ProDom, PFAM, InterPro, SCOP), метаболические базы данных, генетические банки (физические карты, OMIM), специализированные банки данных. Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.

**Тема 2. Уровни структурной организации белков**

Первичная структура белка. Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов. Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой. Современные методы предсказания

вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры. Метод моделирования по гомологиям. Базы данных пространственных структур биополимеров.

### **Тема 3. Сравнение последовательностей**

Анализ последовательностей нуклеотидов. Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность. Гены, регуляторные последовательности.

Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы. Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша. Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания. Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике.

### **Тема 4. Методы определения пространственной структуры биополимеров**

Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей. Предсказание вторичной структуры. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Моделирование гомологов. Фолдинг и его распознавание.

### **Тема 5. Предсказание функции биополимеров по последовательности**

Анализ гомологов и функциональные сигналы. Лидерные пептиды и трансмембранные сегменты. Сайты модификации белков (гликозилирование, фосфорилирование и т.п.).

Функциональные сайты ДНК. Гены прокариот и эукариот. Сравнительные методы предсказания генов. Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК).

### **Тема 6. Эволюция на уровне молекул**

Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов). Филогенетическое дерево. Модели эволюции. Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных.

### **Тема 7. Актуальные проблемы биоинформатики**

Аннотации генома, поиск генов, поиск сайтов репликации в геноме человека. Предсказание структуры, функции и клеточной локализации белков. Медицинская и хемоинформатика.

## **III. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**

В процессе освоения дисциплины «Введение в биоинженерию и биоинформатику» используются следующие образовательные технологии:

#### **1. Стандартные методы обучения:**

- лекции;
- семинары;
- письменные и устные домашние задания;
- консультации преподавателей;
- самостоятельная работа студентов, в которую входит освоение теоретического материала и подготовка к семинарам.

#### **2. Методы обучения с применением интерактивных форм образовательных технологий:**

- интерактивные лекции;
- круглые столы;
- обсуждение подготовленных студентами эссе;
- групповые дискуссии;
- обсуждение результатов работы студенческих исследовательских групп.

При реализации различных видов учебной работы предусматривается использование интерактивных технологий. Неотъемлемой частью данного курса является развитие навыков

работы со специальными Интернет-ресурсами. Поэтому каждому обучающемуся обеспечен свободный индивидуальный доступ в Интернет для работы со следующими базами данных GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, Swiss-Prot, NCBI Protein Database, PROSITE, Pfam и др.

Практическая часть данного курса полностью посвящена работе с этими базами данных, а также знакомству с программным обеспечением, используемым для анализа математических моделей и проведения вычислительных экспериментов в протеомике.

#### **IV. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

##### **Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины**

##### **Рекомендуемая литература**

###### **а) основная литература:**

1. Ананько, Е.А. Введение в информационную биологию и биоинформатику : учеб. пособие : [в 5 т.]: Т. 3, гл. 3, 4: Теория генных связей. Картирование генов, контролирующих сложные признаки человека [Текст] / Ананько Е. А. и др. под ред. Н. А. Колчанова, О. В. Вишневого, Д. П. Фурман. - Новосибирск : НГУ 2015. – 297 с.
2. Леск, А.М. Введение в биоинформатику [Текст] / А.М. Леск; пер. с англ. под ред. А.А. Миронова, В.К. Швядоса. – 2-е изд. – М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2015. – 318 с.
3. Стефанов, В.Е., Биоинформатика: учебник для академического бакалавриата [Текст ] / В.Е. Стефанов, А.А. Тулуб, Г.Р. Мавропуло-Столяренко. – СПб.: СПГУ, 2016. – 252 с.
4. Шевелухи, В.С. Сельскохозяйственная биотехнология и биоинженерия: учебник для студентов высших учебных заведений, обучающихся по сельскохозяйственным, естественно-научным и педагогическим специальностям [Текст] / под ред. В.С. Шевелухи. – Изд. 4-е, значит. перераб. и доп. – М.: URSS, 2015. – 700 с.

###### **б) дополнительная литература:**

1. Белькова, Н.Л. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике: учеб.-метод. Пособие. в 3 ч. Ч. 2. Нуклеиновые кислоты [Текст] / Н. Л. Белькова. – Иркутск: ИГУ, 2014. – 155 с.
2. Долгих, Д. А. Введение в молекулярную биоинженерию: учебно-методический комплекс для бакалавров по дисциплине [Текст] / Д. А. Долгих [и др.]. – М.: Ин-т АйТи, 2011. – 137с.
3. Кирпичников, М.П. Методические разработки по реализации образовательных программ в области биоинженерии [Текст] / М.П. Кирпичников, К.В. Шайтан ; Моск. гос. ун-т. им. М.В.Ломоносова. – М.: МГУ, 2007. – 140 с.
4. Огурцов, А.Н. Введение в биоинформатику [Текст] / А.Н. Огурцов. – Х.: НТУ «ХПИ», 2011. – 400с.
5. Приставка, А. А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике: учеб.-метод. Пособие, в 3 ч.Ч. 1. Белки [Текст] / А. А. Приставка, В. П. Саловарова. – Иркутск: ИГУ, 2013. – 121 с.
6. Эллиот В. Биохимия и молекулярная биология [Текст] / В. Эллиот, Д. Эллиот. – М.: МАИК, 2002. – 431 с.
7. Стефанов, В. Е. Биоинформатика: учебник для академического бакалавриата / В. Е. Стефанов, А.А. Тулуб, Г.Р. Мавропуло-Столяренко. – М.: Юрайт, 2017. – 252 с.

###### **в) периодические издания:**

1. Вестник Московского университета. Серия 16: Биология: науч. журн. URL: <http://www.bio.msu.ru>
2. Физико-химическая биология: РЖ: «Биология» ; ВИНТИ РАН URL : <http://jurs.benran.ru>
3. Вестник Томского государственного университета. Биология: науч. журн. Томск: URL: <http://journals.tsu.ru/biology>

## Перечень информационных технологий

### Интернет-ресурсы:

1. URL: <http://beta.uniprot.org> – SWISS-PROT, UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt
2. URL: <http://cmm.info.nih.gov/modeling> – сервер Центра моделирования молекул Национального Института Здоровья NIH, США
3. URL: <http://www.ebi.ac.uk/uniprot> – база данных UniProt на сервере Европейского института биоинформатики (European Bioinformatics Institute, EBI)
4. URL: <http://www.expasy.org/sprot> – базы данных Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервере ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарского Института Биоинформатики SIB
5. URL: <http://www.genebee.msu.su> – регулярно обновляемая копия (зеркало) базы компании GeneBio в России, на сайте Института физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского
6. URL: <http://www.genebio.com> – сайт компании GeneBio (Geneva Bioinformatics S.A.), распространяющей информацию из протеомных баз данных: SWISS-PROT, PROSITE, SWISS-2DPAGE и соответствующие программные приложения
7. URL: <http://molbiol.ru> – Классическая и молекулярная биология
8. URL: <http://molbiol.edu.ru> – Практическая молекулярная биология
9. URL: <http://proteome.ru> – русскоязычный сайт проекта «Протеом человека»
10. URL: <http://www.jcbi.ru> – Объединенный Центр вычислительной биологии и биоинформатики, русскоязычный информационный сайт с вэб-адресами и краткой характеристикой молекулярно-биологических баз данных
11. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> (<http://www.pubmed.com>) – сервер Национального центра биотехнологической информации США (NCBI): базы данных GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene и др.
12. URL: <http://www.rcsb.org> – Protein Data Bank, база данных PDB.

### Программное обеспечение:

Обязательное программное обеспечение – MS Office.

### Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины

Студенты должны соблюдать дисциплину, вовремя приходить на занятия, предоставлять на проверку домашнюю работу, готовиться к проверочным и контрольным работам, предусмотренным курсом, проявлять активность на занятиях.

Важное место в образовательном процессе занимает самостоятельная работа студентов. Для организации самостоятельной работы студентов по курсу используются современные информационные технологии: размещенные в сетевом доступе комплексы учебных и учебно-методических материалов (программа, список рекомендуемой литературы и информационных ресурсов, задания для самоконтроля), свободный доступ к сети «Интернет» для работы с молекулярными базами данных.

В рамках самостоятельной работы студенты готовят рефераты, а также доклады к семинарским занятиям. Подготовленный реферат по выбранной теме предоставляется преподавателю на проверку. Рефераты, получившие высокую оценку, представляются другим студентам на семинарском занятии.

### Материально-техническое обеспечение дисциплины

Процесс изучения дисциплины обеспечен аудиторией, оборудованной персональными компьютерами, мультимедийными средствами для демонстрации презентаций, программным обеспечением MS Office и доступом к информационно-телекоммуникационной сети «Интернет».

## V. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

### Тематика курсовых работ

Курсовая работа по дисциплине «Введение в биоинженерию и биоинформатику» не предусмотрена.

### Темы рефератов

1. Конструирование модифицированных и новых биологических объектов.
2. Особенности организации экспериментов с клетками и культурами клеток.
3. Внутриклеточный транспорт токсичных молекул.
4. Структурные особенности и взаимодействие макромолекул.
5. Получение искусственных белков с заданными свойствами и их синтез.
6. Культивирование клеток различного происхождения,
7. Особенности создания генно-инженерных конструкций.
8. Генетические маркеры выносливости и работоспособности человека.
9. Приоритеты компьютерного программирования в биоинженерии и биоинформатике.
10. Филогенетическое дерево для белков и организмов
11. Структурная организация хроматина и регуляция экспрессии генов (гистоновый код).
12. Сигнальные каскады: регуляция экспрессии генов, пролиферации и апоптоза.
13. Принципы работы с рекомбинантными ДНК.
14. Мутационный процесс: изменения в последовательности ДНК.
15. Секвенирование геномов. Методы сборки.
16. Использование методов биоинформатики и молекулярного моделирования для изучения механизма действия ферментов.
17. Основные базы данных о биологических последовательностях.
18. Структура записи в банках данных о геномных последовательностях нуклеотидов и белков.
19. Геномный браузер: поиск информации о геноме человека.
20. Скрытые Марковские модели.

### Темы практических работ

1. Средства работы с банками данных I (Entrez) .
2. Средства работы с банками данных II (SRS).
3. Сервис GeneBee. Основные поля записи SwissProt.
4. Поиск гомологов (интерпретация результатов, сравнение алгоритмов, зависимость от параметров).
5. Построение выравниваний , реконструкция филогенетических деревьев (сравнение локальных и глобальных выравниваний, зависимость выравнивания от параметров, оценка статистической значимости).
6. Работа с банком пространственных структур PDB.
7. Структуры белков (RASMOL, SwissPDBViewer). Работа с программой визуализации макромолекул RasMol I.
8. Аннотирование последовательности (поиск белок-кодирующих областей, поиск функциональных сайтов).
9. Работа с программой визуализации макромолекул RasMol II.
10. Поиск слабых сигналов в биологических последовательностях. Интернет-ресурсы работы с полными геномами.
11. Вторичные структуры РНК.
12. Предсказание структурных особенностей белков.

### Вопросы для текущего контроля успеваемости

#### *Семинар 1. Цели, задачи и методы, основные приложения*

1. Современное определение биоинформатики и биоинженерии.
2. Специфика биологических данных.
3. Виды биологической деятельности.
4. Проект «Геном человека».
5. Основные направления использования биологических данных.
6. Информация и энтропия.
7. Молекулярно-биологические основы биоинформатики.

8. Информационно компьютерные и Интернет-компоненты биоинформатики.
9. Применения биоинформатики и биоинженерии.

#### *Семинар 2. Базы данных*

1. Свойства информации.
2. Генерация и рецепция информации.
3. Особенности генетической информации.
4. Биоинформационные данные, сети и базы.
5. NCBI и сервисы.
6. Форматы записи Fasta, Genbank, PDB.
7. EMBL.
8. Swiss-PDBviewer.

#### *Семинар 3. Сравнение последовательностей*

1. Геномная информация.
2. Генетические карты и картирование генома.
3. Основные типы ДНК-маркеров, используемые при картировании генома.
4. Определение нуклеотидных последовательностей, секвенирование ДНК.
5. Определение сиквенса клона.
6. Использование EST-последовательностей.
7. Методы анализа множественной экспрессии генов.
8. Секвенирование белков.
9. Анализ белковой экспрессии методом двумерного фореца в полиакриламидном геле.
10. Глобальное выравнивание последовательностей.
11. Локальное выравнивание последовательностей.
12. Множественное выравнивание последовательностей.
13. Мера сходства биологических последовательностей.
14. Расстояния Хемминга и Левенштайна.
15. Операции редактирования.
16. Вес операций редактирования.
17. Виды штрафов за делеции.

#### *Семинар 4. Пространственной структуры биополимеров*

1. Структура записи PDB.
2. Анализ структурных особенностей.
3. Моделирование.
4. Предсказание вторичной и третичной структуры белков по гомологии.
5. Предсказание параметров спирали ДНК.
6. Динамическое программирование и динамические модели РНК.

#### *Семинар 5. Эволюция на уровне молекул*

1. Эволюция молекул и организмов (ортологи и паралоги, горизонтальный перенос).
2. Филогенетическое дерево как математический объект.
3. Модели эволюции.
4. Алгоритмы построения филогенетических деревьев (матрица расстояний, методы, основанные на матрице расстояний (upgma, neighbour-joining, minimal evolution, топологические инварианты и др.)).
5. Алгоритмические проблемы поиска оптимального дерева, bootstrapping, согласование деревьев.
6. Эволюция на уровне генома (синтения, хромосомные перестройки).
7. Анализ популяционных данных.
8. Snp, тандемные повторы, митохондрии и Y-хромосомы, данные по рестрикции.

9. Статистика последовательностей ДНК.
10. (ди)нуклеотидный состав (изохоры, gc-острова, картирование старта репликации).
11. Частые и редкие слова (вероятностные проблемы).
12. Статистика ДНК как характеристика генома.
13. Вычислительная геномика.
14. Метаболическая реконструкция (в т.ч. неортологичные замещения)
15. Позиционный анализ.
16. Эволюция регуляторных взаимодействий.
17. Эволюция белковых семейств, их доля в геноме.

#### Темы докладов

1. Современные методы исследования первичной структуры белка (определение N-, C-концевых аминокислот; секвенирование).
2. Протеомика: возможности и перспективы.
3. Процессинг и фолдинг синтезированного белка, биологическое значение этих процессов.
4. Компьютерный дизайн лекарственных средств.
5. Филогенетические деревья.
6. MALDI-TOF-спектрометрия биоорганических макромолекул.
7. Гипотеза «молекулярных часов».
8. Gfr – один из самых востребованных маркеров молекулярной и клеточной биологии.
9. Структура генетического локуса.
10. Протеомика – лидер науки XXI века.
11. Филогенетический анализа геномов вирусов.
12. Компьютерный анализ генетических текстов.
13. Метаболомика и проблема антибиотикорезистентности.
14. Геномика и медицина.
15. Горизонтальный перенос генов – основной фактор эволюции прокариот.
16. Геногеография и генетический атлас народов мира.

#### Примеры тестов для контроля знаний

Текущий контроль проводится преподавателем в форме опросов, тестирования, наблюдения за процессом выполнения задачи на компьютере с оценкой результатов проведенного расчета

1. На конце гена  $\beta$ -гемоглобина имеется следующая последовательность  
...ctg gcc cac aag tat cac taa  
Какова аминокислотная последовательность соответствующая представленной?
2. Изобразите точечную матрицу сходства для последовательностей из генома вируса карликовости пшеницы ttttcgtgagtgcgcggaggctttt против самого себя. Является ли эта последовательность настоящим палиндромом?
3. Нарисуйте все возможные укорененные деревья связывающие три таксона. Сколько таких деревьев можно создать?
4. Мутация, при которой единичная замена основания оставляет аминокислотную последовательность неизменной, называется
  - а) нонсенс-мутация;
  - б) обратная замена;
  - в) «молчащая» мутация;**
  - г) мисенс-мутация.
5. Основной постулат (центральная догма) молекулярной биологии
  - а) ДНК  $\rightarrow$  РНК  $\rightarrow$  белок;
  - б) ДНК  $\leftrightarrow$  РНК  $\rightarrow$  белок;**
  - в) ДНК  $\rightarrow$  РНК  $\leftrightarrow$  белок;
  - г) РНК  $\rightarrow$  ДНК  $\rightarrow$  белок.

6. Вырожденность генетического кода – это
- кодирование одним триплетом только одной аминокислоты;
  - кодирование одним триплетом одной либо нескольких аминокислот;
  - кодирование одной аминокислоты несколькими триплетами;**
  - кодирование одним триплетом разных аминокислот.
7. Универсальность генетического кода – это
- кодирование одним триплетом одной либо нескольких аминокислот;
  - кодирование одной аминокислоты несколькими триплетами;
  - кодирование одной аминокислоты одним триплетом;
  - наличие единого кода для всех существ на Земле.**
8. Для нахождения консервативных регионов в наборе последовательностей применяется преимущественно
- множественное выравнивание;**
  - локальное выравнивание;
  - глобальное выравнивание;
  - структурное выравнивание.
9. Выравнивание – это:
- сравнение последовательностей нуклеотидов с «липкими концами»;
  - сравнение аминокислотных последовательностей белков по длине;
  - сравнение нуклеотидных последовательностей по длине;
  - сравнение последовательностей в поиске идентичных серий символов;**
10. Расстояние по Левенштайну или «редакционное расстояние» между двумя строками:
- минимальное число «операций редактирования» для того, чтобы превратить одну строку в другую;**
  - максимальное число «операций редактирования» для того, чтобы превратить одну строку в другую;
  - минимальное число замен позиций в строке для того, чтобы превратить одну строку в другую;
  - минимальное число вставок для того, чтобы превратить одну строку в другую.
11. PSI-BLAST- это программа, которая
- позволяет проводить анализ популяционно-генетических данных;
  - осуществляет филогенетический анализ с использованием метода парсимонии;
  - подбирает данные для последовательностей, аналогичных запрошенной;**
  - проводит множественное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.
12. В иерархии структур белка, домены располагаются ...
- после четвертичной структуры;
  - между вторичными и третичными структурами мономера;**
  - подобный уровень отсутствует;
  - между первичными и вторичными структурами мономера.
13. Что из перечисленного не относится к основным типам генетических карт:
- генетические карты сцепленности генов;
  - «бэндовые» схемы хромосом;
  - последовательности ДНК;
  - контиг.**
14. Контиг – это
- набор перекрывающихся фрагментов ДНК, которые в совокупности представляют собой консенсусную область ДНК;**
  - локусы с варьирующим числом tandemных повторов;
  - полиморфизм коротких tandemных повторов;
  - короткий, секвенированный участок ДНК, локализованный в строго определенной области генома.

15. Процесс спонтанного сворачивания полипептидной цепи в уникальную *нативную* пространственную структуру называется:
- сплайсинг;
  - трансляция;
  - фолдинг;**
  - процессинг.
16. Основным инструментом биоинформатики является:
- выравнивание последовательностей;**
  - секвенирование;
  - программирование;
  - картирование генома.
17. Точечная матрица – это
- комплементарная, записанная в обратном порядке последовательность;
  - палиндромность последовательности;
  - матрицы расчета весов для замен в аминокислотных последовательностях;
  - простейшее изображение, которое дает представление о сходстве между двумя последовательностями.**
18. Метод исследования вещества путём определения отношения массы к заряду и количества заряженных частиц, образующихся при том или ином процессе воздействия на вещество:
- ЯМР-спектроскопия;
  - масс-спектрометрия;**
  - ИК-спектроскопия;
  - электрофорез.
19. Для аннотирования структуры белка не используется метод:
- метод выявления гомологии в последовательностях;
  - метод распознавания фолда;
  - экспериментальное определение структуры;
  - метод Смита-Ватермана.**
20. При каком значении процента идентичных остатков в оптимальном выравнивании два белка будут, вероятно, иметь сходный паттерн фолдинга?
- более 25%;**
  - более 45%;
  - 18%;
  - 10%.
21. Паралогичные гены (paralogous genes) это:
- гомологичные гены филогенетически родственных организмов;
  - гены, которые произошли в результате внутригеномных дупликаций в геноме данного вида;**
  - гомологичные гены филогенетически родственных организмов, разошедшихся в процессе видообразования;
  - гомологичные гены микроорганизмов, образовавшиеся в процессе горизонтального переноса.
22. Трансмембранные сегменты состоят почти исключительно из гидрофобных аминокислотных остатков. Сколько остатков составляет длину трансмембранных спиралей
- 100 остатков;
  - 150 остатков;
  - 2-5 остатка;
  - 15-30 остатков.**
23. Какая из перечисленных ниже программ используется для множественного выравнивания последовательностей ДНК и белков
- ClustalW;**
  - BLAST;
  - DALI;
  - CASP.

24. Модель для оценки эволюционного расстояния по нуклеотидным (либо аминокислотным) заменам в последовательности
- а) модель Тамуры-Нея;
  - б) модель Джукса-Кантора;**
  - в) марковская модель;
  - г) скрытая марковская модель.
25. Основная проблема постгеномной эры:
- а) - предсказание первичной структуры белка по последовательности ДНК;
  - б) - предсказание вторичной структуры белка по последовательности ДНК;
  - в) - предсказание третичной структуры белка по последовательности ДНК;**
  - г) - предсказание четвертичной структуры белка по последовательности ДНК.
26. Гомологичные нуклеотидные (или аминокислотные) последовательности называют паралогичными если...
- а) они появились в результате видообразования;
  - б) они появились в результате дупликации;**
  - в) они находятся в начале гена;
  - г) они являются уникальными.
27. Филогенетическое дерево (эволюционное дерево, дерево жизни) - дерево, отражающее эволюционные взаимосвязи между различными видами или другими сущностями, имеющими общего предка. Вершины филогенетического дерева делятся на три класса (отметить неверное):
- а) листья;
  - б) стволы;**
  - в) узлы;
  - г) корень.
28. Какое из перечисленных ниже выравниваний применяется к «похожим» последовательностям приблизительно одинаковой длины и наглядно показывает разницу между этими последовательностями
- а) локальное;
  - б) множественное;
  - в) глобальное;**
  - г) структурное.
29. Выравнивание нуклеотидных или аминокислотных последовательностей с самым высоким весом называют
- а) оптимальным;**
  - б) множественным;
  - в) глобальным;
  - г) структурным.
30. Методы предсказания структуры белков по аминокислотной последовательности включают в себя (отметить неверное)
- а) моделирование по гомологии;
  - б) распознавание способа укладки;
  - в) предсказание новых фолдов;
  - г) отсев вырожденных мишеней.**

#### Вопросы к зачету

1. Биоинформатика и биоинженерия: возникновение, цели, задачи, методы.
2. Базы данных: классификация, основы структур.
3. Базы данных белковых последовательностей.
4. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот.
5. Банки данных метаболических путей.

6. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п.
7. Основные библиографические базы данных.
8. NCBI, ENTREZ и BLAST – назначение, инструменты, задачи
9. Выравнивание двух последовательностей, точечные матрицы.
10. Глобальное и локальное выравнивание, вес выравнивания, матрицы аминокислотных замен.
11. Локальное выравнивание, задачи, примеры.
12. Алгоритм динамического программирования. Оптимальное выравнивание последовательностей. Способы оптимизации поиска – FASTA, BLAST
13. Зависимость выравнивания от параметров, статистическая значимость выравниваний
14. Множественное выравнивание.
15. Программы для поиска множественного выравнивания. PSI-BLAST.
16. Скрытые Марковские модели (HMM).
17. Выравнивания и филогенетические отношения.
18. Кластеризационный подход к заданию филогенетических отношений
19. Кладистические методы.
20. Третичная структура белка. Фолдинг.
21. Предсказание третичной структуры белка. Моделирование гомологов. Методы, ПО, сервисы.
22. Экспериментальное определение структуры белка. Оценка качества полученной структуры.
23. Предсказание параметров спирали ДНК.
24. Динамические модели РНК.
25. Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК).
26. Молекулярный докинг: цель, задачи, подходы, применение.
27. Биоинформатика и филогенез. Молекулярные часы. Клада, OTU, ветвь, лист, корень. Ультраметрическое и неультраметрическое дерево.
28. Ортологи, паралоги, гомологи, ксенологи.
29. Горизонтальный перенос генов и его роль в эволюции геномов.
30. Алгоритмы построения филогенетических деревьев
31. Медицинская геномика, генная диагностика и генотерапия. Фармакоинформатика.
32. Компьютерная токсикология и иммуноинформатика.

## VI. ТЕМАТИЧЕСКИЙ ПЛАН ИЗУЧЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

### Объем дисциплины и виды учебной работы

Объем курса – 72 часа, 2 зачетные единицы, в том числе 32 часа – аудиторная нагрузка, из которых 12 часов – лекции, 20 часов – семинары, 40 часов – самостоятельная работа студентов. Читается на 2 курсе (4 семестр), итоговая форма отчетности – зачет.

Вид учебной работы	Всего часов
<b>Контактные занятия (всего)</b>	32
В том числе:	
Лекции	12
Практические занятия (ПЗ)	Нет
Семинары (С)	20
Лабораторные работы (ЛР)	Нет
<b>Самостоятельная работа (всего)</b>	40
Курсовая междисциплинарная работа	Нет
Вид промежуточной аттестации Зачет	4

Общая трудоемкость (часы)	72
Зачетные единицы	2

### Разделы дисциплин и виды занятий

№ п/п	Раздел дисциплины	Общая трудоемкость	Аудиторная нагрузка	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу студентов и трудоемкость (в часах)				Формы текущего контроля успеваемости (по неделям семестра) Формы промежуточной аттестации (по семестрам)
				Лекции	Семинарские	ПЗ	Самостоятельная работа	
1.	Цели, задачи и методы биоинформатики, основные приложения	5	3	1	2		2	тест
2.	Базы данных	5	3	1	2		2	тест
3.	Уровни структурной организации белков	10	6	2	4		4	опрос реферат практикум
4.	Сравнение последовательностей	8	4	2	2		4	опрос реферат
5.	Методы определения пространственной структуры биополимеров	10	6	2	4		4	тест реферат практикум
6.	Предсказание функции биополимеров по последовательности	8	4	2	2		4	опрос доклад
7.	Эволюция на уровне молекул	5	3	1	2		2	опрос доклад
8.	Актуальные проблемы биоинформатики	5	3	1	2		2	опрос практикум
9.	Промежуточная аттестация	4					16	зачет
	<b>ИТОГО:</b>	<b>72(+4)</b>	<b>32</b>	<b>12</b>	<b>20</b>		<b>40</b>	

**ФОРМА БИЛЕТА К ЗАЧЕТУ**

Российская Федерация  
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования  
“Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова”  
Факультет «Высшая школа управления и инноваций»

БИЛЕТ № \_\_  
по дисциплине «Введение в биоинженерию и биоинформатику»  
Направление/Специальность 27.03.05. «Инноватика»

Вопрос 1.

Вопрос 2.

Утверждено на заседании Совета факультета «\_\_» \_\_\_\_\_ 201\_\_ года, протокол № \_\_\_\_

Председатель Совета \_\_\_\_\_ Ф.И.О.  
(подпись)

**СИСТЕМА РЕЙТИНГОВОЙ ОЦЕНКИ И КОНТРОЛЯ ЗНАНИЙ СТУДЕНТОВ**

№ п/п	СТРУКТУРА	Баллы по каждому модулю
1.	Оценка за активное участие в учебном процессе и посещение занятий:  <div style="text-align: right;">           Всех занятий            Не менее 75%            Не менее 50%            Не менее 25%         </div> Итого:	     5 4 3 2 до 5
2.	устный опрос в форме собеседования (УО-1) письменный опрос в виде теста (ПР-1) контрольная работа (ПР-2) письменная работа в форме реферата (ПР-3) Итого:	5 10 15 10 40
3.	Зачет	55
	<b>ВСЕГО:</b>	<b>100</b>

**Пересчет на 5 балльную систему**

<b>2</b> <b>(неудовлетворительно)</b>	<b>3</b> <b>(удовлетворительно)</b>	<b>4</b> <b>(хорошо)</b>	<b>5</b> <b>(отлично)</b>
<b>&lt; 50</b>	<b>50-64</b>	<b>65-84</b>	<b>85-100</b>