



## МИНОБРНАУКИ РОССИИ

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования

«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

ФГБОУ ВО «ИГУ»

Кафедра биохимии, молекулярной биологии и генетики

УТВЕРЖДАЮ  
Биолого-почвенный факультет  
Декан биолого-почвенного факультета  
А. Н. Матвеев  
«24» мая 2023 г.

### Рабочая программа дисциплины

Наименование дисциплины: Б1.В.2 «МЕТОДЫ АНАЛИЗА МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДАННЫХ»

Направление подготовки: 06.04.01 «Биология»

Направленность (профиль) подготовки: «Биохимия и молекулярная биология»

Квалификация выпускника: Магистр

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биолого-почвенного факультета

Протокол № 5 от «24» мая 2023 г.

Председатель А. Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой:

Протокол № 7

От «06» 03 2023 г.

Зав. кафедрой С. В. Осипова

Иркутск 2023 г.

## Содержание

	стр.
I. Цель и задачи дисциплины .....	3
II. Место дисциплины в структуре ОПОП .....	3
III. Требования к результатам освоения дисциплины .....	3-4
IV. Содержание и структура дисциплины .....	5-18
4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов .....	5-6
4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине .....	6-12
4.3 Содержание учебного материала .....	13-17
4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ .....	15-16
4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение в рамках самостоятельной работы студентов .....	16-17
4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов .....	17-18
4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов) .....	18
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины .....	18-19
а) перечень литературы .....	18
б) периодические издания .....	18-19
в) список авторских методических разработок .....	19
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы.....	19
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины .....	19-20
6.1. Учебно-лабораторное оборудование .....	19-20
6.2. Программное обеспечение .....	20
6.3. Технические и электронные средства обучения .....	20
VII. Образовательные технологии .....	21-22
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации .....	22-25

## **I. Цель и задачи дисциплины:**

**Цель:** формирование у студентов базовых знаний в области автоматизированного управления всеми видами биологической информации, включая гены и их продукты, целые организмы и способности использовать полученные знания для решения профессиональных задач в области молекулярной биологии и генетики. Подготовка специалистов владеющих современными базовыми возможностями анализа массовых данных современной молекулярной биологии.

### **Задачи:**

- сформировать у студентов знания о существующих международных базах данных, позволяющих осуществлять хранение, курирование и управление крупными массивами биологических данных;
- дать представление об использовании баз данных и различных биоинформационных программ для анализа и интерпретации биологических данных различного типа – в частности, последовательностей ДНК, РНК и белков, белковых структур, профилей экспрессии генов и тд;
- сформировать знания о разработке программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным;
- познакомить с важнейшими аспектами эволюционной биоинформатики (для сравнения трех и более объектов и для реконструкция филогенетических деревьев).
- формирование способности самостоятельной многосторонней оценки практического применения биоинформационных технологий в научно-исследовательской деятельности

## **II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО**

2.1. Учебная дисциплина Б1.В.2 «методы анализа молекулярно-генетических данных» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений.

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами: «Биохимия», «Информатика», «Генетика», «Молекулярная биология», «Биотехнология».

2.3. Перечень последующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: «Молекулярная биология белков», «Молекулярные основы экспрессии генов», «Производственная практика по профилю профессиональной деятельности», выполнение ВКР.

## **III. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ**

Процесс освоения дисциплины направлен на формирование элементов следующих компетенций в соответствии с ФГОС ВО и ОП ВО по данному направлению подготовки 06.03.01 «Биология», профиль «Биохимия и молекулярная биология»:

ПК-2: Знает актуальные проблемы современной биохимии, молекулярной биологии и генетики. Владеет методами и умеет использовать оборудование для самостоятельного решения задач в области биохимии, молекулярной биологии, генетики, лабораторной медицинской диагностики.

ПК-3: Умеет осуществлять поиск, обобщать и критически анализировать научную информацию в области биохимии, генетики, молекулярной биологии.

**Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с индикаторами достижения компетенций**

<b>Компетенция</b>	<b>Индикаторы компетенций</b>	<b>Результаты обучения</b>
ПК-2 Знает актуальные	<i>ИДК ПК 2.1</i> Знает актуальные	Знать: основные положения и принципы современной биохимии, молекулярной биологии

<p>проблемы современной биохимии, молекулярной биологии и генетики. Владеет методами и умеет использовать оборудование для самостоятельного решения задач в области биохимии, молекулярной биологии, генетики, лабораторной медицинской диагностики.</p>	<p>проблемы современной биохимии, молекулярной биологии и генетики.</p>	<p>и генетики. Уметь: использовать полученные теоретические знания для решения фундаментальных и прикладных задач биохимии, молекулярной биологии и генетики, а также для освоения последующих дисциплин профиля биохимия и молекулярная биология. Владеть: терминологией, используемой в биохимии, молекулярной биологии и генетики.</p>
	<p><i>ИДК ПК2.3</i> Владеет методами и умеет использовать оборудование для самостоятельного решения задач в области биохимии, молекулярной биологии, генетики, лабораторной медицинской диагностики.</p>	<p>Знать: основные методы и оборудование, используемые в биохимии, молекулярной биологии и генетики. Уметь: использовать специальные методические подходы и оборудование для решения профессиональных задач в сфере фундаментальных разделов биохимии, молекулярной биологии и генетики. Владеть: приемами современных методов исследования, используемых в биохимии, молекулярной биологии и генетики.</p>
<p><i>ПК-3</i> Умеет осуществлять поиск, обобщать и критически анализировать научную информацию в области биохимии, генетики, молекулярной биологии.</p>	<p><i>ИДК ПК 3.1</i> Умеет осуществлять поиск, обобщать и критически анализировать научную информацию в области биохимии, генетики, молекулярной биологии</p>	<p>Знать: основные принципы информационно-поисковых систем, приемы работы с научной и методической литературы в области биохимии, генетики, молекулярной биологии. Уметь: осуществлять поиск научной литературы по теме исследования, ее обобщать и критически анализировать. Владеть: навыками подготовки докладов и материалов к презентациям по определенным темам исследований.</p>

#### IV. СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Объем дисциплины составляет 3 зачетных единицы, 108 часов, в том числе 0,9 зачетная единица, 31 часов на экзамен.

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 41 часов

Из них \_\_\_\_ часов – практическая подготовка

**Форма промежуточной аттестации:** экзамен.

**4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов**

№ п/н	Раздел дисциплины/тема	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)				Форма текущего контроля успеваемости/ Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися			Самостоятельная работа	
					Лекция	Семинар/ Практическое, лабораторное занятие/	Консультация		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	Тема 1. История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных», фундаментальные и прикладные аспекты	1	11		4	2	-	5	Коллоквиум КСР Доклад (презентация)
2	Тема 2. Основные направления Основные направления биоинформатики: • Биоинформатика последовательностей. • Структурная биоинформатика. • Компьютерная геномика	1	11		4	2	-	5	Коллоквиум КСР Доклад (презентация)

<b>3</b>	Тема 3. Основные базы данных биологической информации	1	12		2	4	-	6	Коллоквиум КСР Доклад (презентация)
<b>4</b>	Тема 4. Выравнивание биологических последовательностей	1	12		2	4	-	6	Коллоквиум КСР Доклад (презентация)
<b>5</b>	Тема 5. Модели нуклеотидных замен	1	12		2	4	-	6	Коллоквиум КСР Доклад (презентация)
<b>6</b>	Тема 6. Бионика	1	11		4	2	-	5	Коллоквиум КСР Доклад (презентация)

#### 4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоёмкость (час.)		

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 1. История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных, фундаментальные и прикладные аспекты	<p>Подготовка к практическому занятию с использованием конспекта лекции и рекомендуемой литературы.</p> <p>Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросу: История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных», фундаментальные и прикладные аспекты.</p> <p>Подготовка доклада и презентации по математическому моделированию динамики биологических процессов на примере уравнения Вольтерра-Лотки.</p>	1-2	5	Коллоквиум Доклад (презентация)	<p>1. Леск, А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бинوم. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с.</p> <p>2. Игнасимуту, С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту, пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Ин-т компьютер. исслед., 2007. - 316 с.</p>

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 2. Основные направления Основные направления биоинформатики: • Биоинформатика последовательностей. • Структурная биоинформатика. • Компьютерная геномика	Подготовка к практическому занятию с использованием конспекта лекции и рекомендуемой литературы. Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросам: «определение с помощью биеформационных ресурсов корректной триплетности нуклеотидных последовательностей», «изучения возможностей программы “Bioedit”»	3-5	5	Коллоквиум Доклад (презентация)	1. Леск, А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Шведаса. - М. : Бинум. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. 2. Игнасимуту, С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту, пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Интернет компьютер. исслед., 2007. - 316 с.

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 3. Основные базы данных биологической информации	Подготовка к практическому занятию с использованием конспекта лекции и рекомендуемой литературы. Подготовка доклада и презентации по теме работа в программах “Clustal” и “Bioedit”.	6-9	6	Коллоквиум Доклад (презентация)	1. Леск, А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бинوم. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. 2. Игнасимуту, С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту, пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Интернет компьютер. исслед., 2007. - 316 с.

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 4. Выравнивание биологических последовательностей	Подготовка к практическому занятию с использованием конспекта лекции и рекомендуемой литературы. Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросу: «Матрицы аминокислотных замен PAM, Blosum, Gonnet». Подготовка доклада и презентации по теме работа в программе «Blast».	10-11	6	Коллоквиум Доклад (презентация)	1. Леск, А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бинوم. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. Щербаков, Д. Ю. Актуальные проблемы современной генетики. Биоинформационные методы анализа биоразнообразия : учеб. пособие / Д. Ю. Щербаков, Р. В. Адельшин, М. В. Коваленкова ; - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2018. - 119 с.

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 5. Модели нуклеотидных замен	<p>Подготовка к практическому занятию с использованием конспекта лекции и рекомендуемой литературы.</p> <p>Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросам: «Молекулярные часы», «Гипотеза нейтральности», «Модель нуклеотидных замен Jukes-Cantor».</p> <p>Подготовка доклада и презентации по теме работа в программе «JModelTest 2.1.1». Изучения возможностей языка программирования «R».</p>	12-13	6	Коллоквиум Доклад (презентация)	<p>1. Леск, А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / ред.: А. А. Миронов, В. К. Швьадаса. - М. : Бинوم. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с.</p> <p>2. Щербаков, Д. Ю. Актуальные проблемы современной генетики. Биоинформационные методы анализа биоразнообразия : учеб. пособие / Д. Ю. Щербаков, Р. В. Адельшин, М. В. Коваленкова ; Иркут. гос. ун-т, - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2018. - 119 с.</p>

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 6. Бионика	<p>Подготовка к практическому занятию с использованием конспекта лекции и рекомендуемой литературы.</p> <p>Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросу: «Нейробионика», «Днк-компьютинг»</p> <p>Подготовка и защита индивидуального научного проекта по с использование всего комплекса знаний и навыков полученных на данном учебном курсе.</p>	14-16	5	Коллоквиум Доклад (презентация)	<p>1. Леск, А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бинوم. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с.</p> <p>2. Игнасимуту, С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту, пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Интернет компьютер. исслед., 2007. - 316 с.</p>
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – 33						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий (час)				21		

### 4.3 Содержание учебного материала

*Содержание учебного материала соответствует разделу I (Методы анализа геномов. Метагеномика. Биоинформатика) модуля “Генетика и генетические технологии в промышленной биотехнологии”.*

**Тема 1. История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных, фундаментальные и прикладные аспекты** Основной предмет изучения дисциплины, цели и задачи. История возникновения и развития предмета, современное состояние. Различные аспекты решения задач: биологические, математические, алгоритмические, аналитические, статистические. Фундаментальные аспекты науки ориентированы на решение научных проблем, связаны с формированием научного знания, концептуального аппарата изучаемой дисциплины, методов исследования. Прикладные аспекты науки ориентированы на решение актуальных научных проблем, связанных с преобразованием изучаемого объекта. Реальное применение результатов современных методов анализа молекулярно-генетических данных.

**Тема 2. Основные направления** **Основные направления биоинформатики: Биоинформатика последовательностей; Структурная биоинформатика; Компьютерная геномика**

Основные задачи биоинформатики, связанные с анализом отдельных последовательностей:

Выравнивание и определение сходства двух последовательностей;

Построение множественных выравниваний;

Распознавание генов;

Предсказание сайтов связывания регуляторных белков;

Предсказание вторичной структуры РНК последовательностью;

Выравнивание биологических последовательностей: общие понятия, виды выравнивания, алгоритмы выравнивания, оценка эффективности. Правила при использовании множественного выравнивания. Предсказание генов. Предсказание генов - один из ключевых этапов в аннотации генома вида. Методы предсказания генов: эмпирический метод, Неэмпирические (Ab initio). Биоинформационные программы для предсказания генов. Предсказание сайтов связывания регуляторных белков. Базы данных по сайтам связывания регуляторных белков. Предсказание вторичной структуры РНК: биологический смысл, методы и эффективность. Биоинформационные программы для предсказания вторичной структуры РНК. Структурные методы:

1. определение (предсказание) участков молекулы белка, важных для той или иной функции данного белка;

2. сравнительный анализ структур родственных белков, классификация белков на основе их пространственной структуры;

3. анализ структур комплексов двух или нескольких молекул белка, комплексов молекул белка с другими молекулами;

4. предсказание воздействия молекул химических веществ (в частности, потенциальных лекарств) на молекулы белков;

5. предсказание структуры белка по структуре белка с похожей последовательностью. Компьютерный анализ геномов состоит из основных элементов:

Предсказание генов в последовательностях. При этом в некоторых случаях удается даже найти ошибки в последовательности;

Предварительная аннотация по сходству и другим особенностям белковых последовательностей;

Сравнительный анализ геномов;

Исследование регуляции работы генов;

Поиск «пропущенных» генов.

### **Тема 3. Основные базы данных биологической информации**

Определение и основные характеристики биологических баз данных. Типы биологических баз данных:

Архивные;  
Курируемые базы данных;  
Автоматические базы данных;  
Производные базы данных;  
Интегрированные базы данных.

Базы данных: GeneBank (NCBI), EMBL (European Molecular Biology Laboratory), PDB (Protein Data Bank), SwissProt, TrEMBL (Translated EMBL), UniProt (Universal Protein Resource), SCOP (Structural Classification Of Proteins), PFAM (Protein families database of alignments and HMMs), GO (Gene Ontology consortium database), ENTREZ (Molecular Biology DataBase and Retrieval System), OMIM (On-line Mendelian Inheritance in Man), *HGMD* (Human Gene Mutation Database), KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), UniGene, PROSITE (PROtein SITES), ENSEMBL.

### **Тема 4. Выравнивание биологических последовательностей**

Мутации – основной источник первичной изменчивости для эволюции. Биологический смысл выравнивания аминокислотных и нуклеиновых последовательностей. Матрицы аминокислотных замен PAM, Blosum, Gonnet. Основные отличия матриц PAM и Blosum. Прогрессивный алгоритм выравнивания биологических последовательностей. Метод ближайшего соседа (Nearest Neighbors). Метод UPGMA (метод невзвешенного попарного среднего). Программы для множественного выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Программы серии Clustal. Пакет программ BLAST:

1. Геномные программы – предназначены для сравнения изучаемой нуклеотидной последовательности с базой данных секвенированного генома;
2. Нуклеотидные:
  - blastn – медленное сравнение с целью поиска всех сходных последовательностей;
  - megablast – быстрое сравнение с целью поиска высоко сходных последовательностей;
  - dmegablast – быстрый поиск очень похожих, но не идентичных последовательностей;
3. Белковые:
  - blastp – медленное сравнение с целью поиска всех сходных последовательностей;
  - psi-blast – сравнение с целью поиска последовательностей, обладающих незначительным сходством;
  - phi-blast – поиск белков, содержащих определенный пользователем паттерн и др.
4. blastx – сравнивает транслированную последовательность с базой данных белковых последовательностей;
5. tblastn – сравнивает аминокислотную последовательность с базой данных транслированных нуклеотидных последовательностей;
6. tblastx – сравнивает транслированную последовательность ДНК с базой данных транслированных нуклеотидных последовательностей;
7. Специализированный:
  - cdart – сравнение с целью поиска гомологичных белков по доменной архитектуре;
  - VecScreen – определение сегментов нуклеотидной последовательности нуклеиновой кислоты, которые могут иметь векторное происхождение и др.;
  - bl2seq – локальное выравнивание двух последовательностей и др.

### **Тема 5. Модели нуклеотидных замен**

Определение, общие понятия и практическое применения для изучения филогенеза и эволюционного процесса в целом. Гипотеза молекулярных часов. Теория нейтральной эволюции. Модели нуклеотидных замен (JC69, K80 или K2P, F81, HKY85, TN93, GTR). Программы для подбора моделей нуклеотидных замен. Программа “JModelTest 2.1.1.”. Графическая визуализация результатов работы программы “JModelTest 2.1.1.”, с помощью языка программирования “R”.

#### Тема 6. Бионика

Определение и основные понятия бионики, современное состояние. Биологическая бионика, теоретическая бионика, техническая бионика. Нейробионика. Преимущества нервной системы живых организмов перед самыми современными аналогами, изобретенными человеком. Нейроподобные системы – физические системы или математические модели, имеющие наиболее существенные информационные свойства нейронных структур. Классы нейроподобных структур. Модели нейронных сетей: модель Маккалоха, Розенблата, Хопфилда. Нейрокомпьютинг. Днк-компьютинг.

#### 4.3.1. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/н	№ раздела и темы	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (час.)		Оценочные средства	Формируемые компетенции (индикаторы)*
			Всего часов	Из них практическая подготовка		
1	2	3	4	5	6	7
1	Тема 1	История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных, фундаментальные и прикладные аспекты. Математическое моделирование динамики биологических процессов на примере уравнения Вольтерра-Лотки.	7	2	Коллоквиум Доклад	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
2	Тема 2	Определение с помощью биоинформационных ресурсов корректной триплетности нуклеотидных последовательностей. Освоение программы “Bioedit”.	7	2	Коллоквиум Доклад	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
3	Тема 3	Основные базы данных биологической информации. Работа в программах “Clustal” и “Bioedit”.	10	4	Коллоквиум Доклад	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
4	Тема 4	Выравнивание биологических	10	4	Коллоквиум Доклад	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i>

		последовательностей. Использование пакета программ“Blast” Для анализа биологических последовательностей.				<i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
5	<b>Тема 5</b>	Модели нуклеотидных замен. Работа в программе “JModelTest 2.1.1”. Использование языка программирования “R” для графической визуализации результатов.	<b>10</b>	<b>4</b>	Коллоквиум Доклад	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
6	<b>Тема 6</b>	Бионика. Подготовка и защита индивидуального научного проекта по с использование всего комплекса знаний и навыков полученных при изучении курса” методы анализа молекулярно-генетических данных” .	<b>7</b>	<b>2</b>	Коллоквиум Доклад	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>

#### 4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение студентами в рамках самостоятельной работы (СРС)

п/п	Тема	Задание	Формируемая компетенция	ИДК
1.	Тема 1. История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных, фундаментальные и прикладные аспекты	Изучить теоретический материал по вопросу: история возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных», фундаментальные и прикладные аспекты. Подготовка доклада и презентации по математическому моделированию динамики биологических процессов на примере уравнения Вольтерра-Лотки.	ПК-2 ПК-3	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
2.	Тема 2. Основные направления биоинформатики: Биоинформатика последовательностей; Структурная	Изучить теоретический материал по вопросам: Определение с помощью биоинформационных ресурсов корректной триплетности нуклеотидных	ПК-2 ПК-3	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>

	биоинформатика; Компьютерная геномика	последовательностей; Изучения возможностей программы “Bioedit”.		
3.	Тема 3. Основные базы данных биологической информации	Подготовка доклада и презентации по теме работа в программах “Clustal” и “Bioedit”.	ПК-2 ПК-3	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
	Тема 4. Выравнивание биологических последовательностей	Изучить теоретический материал по вопросу: матрицы аминокислотных замен РАМ, Blosum, Gonnet. Подготовка доклада и презентации по теме работа в программе “Blast”.	ПК-2 ПК-3	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
	Тема 5. Модели нуклеотидных замен	Изучить теоретический материал по вопросам: «Молекулярные часы», «Гипотеза нейтральности», «Модель нуклеотидных замен Jukes-Cantor». Подготовка доклада и презентации по теме работа в программе “JModelTest 2.1.1”. Изучения возможностей языка программирования “R”.	ПК-2 ПК-3	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>
	Тема 6. Бионика	Изучить теоретический материал по вопросам: «Нейробионика», «Днк-компьютинг» Подготовка и защита индивидуального научного проекта по с использование всего комплекса знаний и навыков полученных на курсе ” методы анализа молекулярно-генетических данных”.	ПК-2 ПК-3	<b>ПК-2</b> <i>ИДК ПК 2.1</i> <i>ИДК ПК 2.3</i> <b>ПК-3</b> <i>ИДК ПК3.1</i>

#### 4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов

Самостоятельная работа студентов является составной частью учебного процесса и имеет целью закрепление и углубление полученных знаний и навыков, поиск и приобретение новых знаний, а также выполнение учебных заданий, подготовку к предстоящим занятиям, зачетам и экзаменам.

Для организации самостоятельной работы по дисциплине «Методы анализа молекулярно-генетических данных» используются следующие формы самостоятельной учебной работы:

- Работа над конспектом лекции.

- Подбор, изучение, анализ рекомендованной литературы.
- Самостоятельное изучение отдельных тем, параграфов, не изложенных в лекции.
- Подготовка к практическому занятию состоит в теоретической подготовке и выполнении практических заданий (решение задач, ответы на вопросы и т.д.).
- Подготовка докладов.
- Подготовка к тестированию.
- Подготовка к экзамену.

*Письменные работы.* Для изучения тем, не изложенных в лекции, рекомендуется использовать основную и дополнительную литературу, а также источники, найденные при помощи информационно-справочных и поисковых систем. Для закрепления материала рекомендуется делать краткие конспекты по теме. Качество выполненной работы оценивается в ходе обсуждения данных вопросов при проведении коллоквиума по соответствующей теме (см. п. 4.3.1).

*Устный доклад* – это сообщение в течение 10-15 мин, в котором студент в лаконичной форме должен изложить материал по соответствующей теме, придерживаясь следующего плана: введение, основная часть, заключение. Доклад сопровождается презентацией, отражающей основные положения по соответствующей теме, включающей наглядные материалы (схемы, таблицы, фото и т.д.). По окончании доклада студенту задают вопросы, как преподаватель, так и студенты, на которые докладчик должен дать исчерпывающие ответы.

Критерии оценивания устного доклада:

- Оценка «отлично». В докладе полностью раскрыта тема, проанализировано современное состояние вопроса; студент свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, соблюдая основные правила культуры речи. Доклад сопровождается презентацией, которая отражает основные положения доклада, презентация составлена грамотно с соблюдением общих требований, правил шрифтового оформления, подачи графического материала, имеются ссылки на приведенные фото, рисунки, схемы и т.д., приводится список использованной литературы. При обсуждении доклада студент дает исчерпывающие, аргументированные, корректные ответы на вопросы.

- Оценка «хорошо». Тема раскрыта, приведено достаточное количество материала, но при этом материал в недостаточной степени проанализирован автором. Презентация не в полной степени соответствует общим требованиям. Ответы студента не на все вопросы являются исчерпывающими и аргументированными.

- Оценка «удовлетворительно». Тема раскрыта не полно, материал приведен как простая констатация фактов, не проанализирован, студент показывает поверхностные знания. Презентация частично соответствует установленным требованиям. При обсуждении доклада студент не всегда дает правильные, исчерпывающие ответы на задаваемые вопросы.

- Оценка «неудовлетворительно». Тема доклада не раскрыта, скудный объем приведенных материалов; презентация отсутствует. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют заданным вопросам.

**4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов):** не предусмотрены учебным планом.

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

### **а) перечень литературы**

#### **1. Основная литература**

1. Леск, Артур. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - Пер. изд.: Introduction to bioinformatics / Arthur M. Lesk. - Oxford, 2002. - ISBN 978-5-94774-501-6

## **2. Дополнительная литература**

1. Щербаков, Дмитрий Юрьевич. Актуальные проблемы современной генетики. Биоинформационные методы анализа биоразнообразия : учеб. пособие / Д. Ю. Щербаков, Р. В. Адельшин, М. В. Коваленкова ; Иркут. гос. ун-т, Биол.-почв. фак. - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2018. - 119 с. - ISBN 978-5-9624-1600-7

### **б) периодические издания**

### **в) список авторских методических разработок:**

### **г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы**

1. Научная Электронная Библиотека <http://www.e-library.ru>
2. Информационная система «Единое окно доступа к образовательным ресурсам» (<http://window.edu.ru>)
3. ЭБС «ЮРАЙТ». Адрес доступа: <https://www.biblio-online.ru/>
4. ЭБ Издательского центра «Академия». Адрес доступа: <http://www.academia-moscow.ru>
5. <http://www.fptl.ru/biblioteka/biotehnologiya.html>
6. <http://www.medbook.net.ru/010512.shtml>
7. Союз образовательных сайтов - Естественные науки
8. <http://tusearch.blogspot.com> - Поиск электронных книг, публикаций, законов, ГОСТов на сайтах научных электронных библиотек.
9. Google Scholar –Поисковая система по научной литературе.
10. Science Research Portal - Научная поисковая система, осуществляющая полнотекстовый поиск в журналах многих крупных научных издательств, таких как Elsevier, Highwire, IEEE, Nature, Taylor & Francis и др. Ищет статьи и документы в открытых научных базах данных: Directory of Open Access Journals, Library of Congress Online Catalog, Science.gov и Scientific News.

## **VI. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **6.1. Учебно-лабораторное оборудование:**

Специальные помещения:

Аудитория для проведения занятий лекционного типа оборудована:

специализированной (учебной) мебелью на 12 посадочных мест,

техническими средствами обучения: Доска аудиторная меловая, Проектор BenQ MS504, служащими для представления учебной информации большой аудитории по дисциплине «Методы анализа молекулярно-генетических данных»;

Аудитория для проведения занятий семинарского типа оборудована:

специализированной (учебной) мебелью на 12 посадочных мест, биохимическая лаборатория (лабораторные столы - 4 шт.); раковина с тумбой - 1 шт., Деревянные тумбы для хранения реактивов - 2 шт., швытяжной ЛК-1500 ШВ - 2 шт., весы аналитические ГОСМЕТР Ленинград - 1 шт., фотоэлектроколориметр КФК-2 - 1 шт., аквадистиллятор электрический АЭ-14-«Я-ФП»-01 - 1 шт., термостат электрический суховоздушный ТС-1/80 СПУ - 1 шт.;

техническими средствами обучения: доска аудиторная меловая, проектор BenQ MS504, служащими для представления учебной информации большой аудитории по дисциплине «Методы анализа молекулярно-генетических данных»;

Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы – Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения:

Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блок Athlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.;

Моноблок IRU T2105P – 2 шт.;

Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.;

Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.;

Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.;

Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.;

Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.;

с неограниченным доступом к сети Интернет; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot.

Помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования - Аудитория оборудована:

специализированной мебелью на 8 посадочных мест; Шкаф вытяжной ЛК-1500 ШВ+вентилятор - 2 шт., Стол двухтумбовый - 5 шт., Стол одностумбовый - 4 шт., Стол компьютерный - 1 шт., Металлические тумбы для хранения лабораторной посуды и оборудования - 4 шт., Деревянные тумбы для хранения лабораторной посуды и оборудования - 5 шт., Шкаф-купе двухдверный - 1 шт., Шкаф металлический - 1 шт., Холодильник NORD ДХ-241-0-010 - 1 шт., Электроплита Луч - 1 шт., Раковина с тумбой - 1 шт., Шкаф-купе трехдверный - 1 шт., Шкаф книжный - 3 шт., Микроскоп Биомед 2 Led - 7 шт., Микроскоп Levenhuk D870T - 1 шт., Микроскоп Levenhuk D870T тринокуляр - 1 шт., Микроскоп Микромед Р-1-LED - 1 шт., Микроскоп МЛ-5-Б - 1 шт., Микроскоп биологический МБ-1600Б - 1 шт., Микроскоп Р-14 - 4 шт., Микроскоп Levenhuk 2L NG – 5 шт., Светитель ОИ-12 - 1 шт., Фазовый контраст КФ-3 - 1 шт., Фазовый контраст КФС - 1 шт., рН-метр иономер универсальный ЭВ-74 - 1 шт., Спектрофотометр ПЭ-5300 ВИ - 1 шт., Магнитная мешалка ММ-5 - 5 шт., Весы аналитические ВЛР-200 - 1 шт., Весы торсионные ВТП-500 - 4 шт., Весы торсионные WAGA TORSYJNA-WT - 3 шт., Проектор Оверхед GEHA ОНР Ecovision 24/3 - 1 шт., Системный блок в комплекте ASUS - 1 шт., Монитор BenQ DL2215 - 1 шт., Ноутбук Lenovo G580 в комплекте - 1 шт., Мультифункциональное устройство SAMSUNG M2070 - 1 шт., Сканер HP Scanjet G2410 - 1 шт., Принтер Canon LBP 2900 – 1 шт.

### **6.2. Программное обеспечение:**

Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition;

Foxit PDF Reader 8.0;

LibreOffice 5.2.2.2;

Ubuntu 14.0;

АСТ-Тест Plus 4.0 (на 75 одновременных подключений) и Мастер-комплект (АСТ-Maker и АСТ-Converter).

### **6.3. Технические и электронные средства:**

Презентации по всем темам курса.

## **VII. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**

Для освоения дисциплины «Методы анализа молекулярно-генетических данных» применяются следующие образовательные технологии:

- *Информационная лекция.* Лекция – это сжатое изложение основных научных фактов, что является базой для анализа рассуждений, оценок.

- *Лекция-визуализация.* Учит студентов преобразовывать устную и письменную информацию в визуальную форму, что формирует у них профессиональное мышление за счет систематизации и выделения наиболее значимых, существенных элементов содержания обучения. Задача преподавателя использовать такие формы наглядности, которые не только дополняют словесную информацию, но и сами являются носителями

информации (схемы, рисунки, слайды-презентации, и т.п.). Этот вид лекции лучше всего использовать на этапе введения студентов в новый раздел, тему дисциплины.

- *Проблемная лекция.* В отличие от содержания информационной лекции, которое предлагается преподавателем в виде известного, подлежащего лишь запоминанию материала, на проблемной лекции новое знание вводится как неизвестное для обучающихся. Проблемная лекция начинается с вопросов, с постановки проблемы, которую в ходе изложения материала необходимо решить. Лекция строится таким образом, что познания обучающегося приближаются к поисковой, исследовательской деятельности. Здесь участвуют мышление обучающегося и его личностное отношение к усваиваемому материалу.

- *Лекция-беседа.* Предполагает непосредственный контакт преподавателя с аудиторией. Преимущество лекции-беседы состоит в том, что она позволяет привлекать внимание студентов к наиболее важным вопросам темы, определять содержание и темп изложения учебного материала с учетом особенностей студентов.

- *Практические занятия* – это занятие, проводимое под руководством преподавателя в учебной аудитории, направленное на углубление научно-теоретических знаний и овладение определенными методами самостоятельной работы, которое формирует практические умения. Одной из форм практических занятий в вузе является семинар.

- *Коллоквиумы* – вид учебного занятия, проводимого с целью проверки и оценивания знаний учащихся. Коллоквиум может проводиться в форме индивидуальной беседы преподавателя со студентом или как массовый опрос. В ходе группового обсуждения студенты учатся высказывать свою точку зрения по определенному вопросу, защищать свое мнение, применяя знания, полученные на занятиях по предмету. В ходе коллоквиума также проверяются рефераты, другие письменные работы студентов, проводится заслушивание докладов.

- *Самостоятельная работа студентов* (см. п.4.4).

- *Дистанционные образовательные технологии.* Под дистанционными образовательными технологиями понимаются образовательные технологии, реализуемые в основном с применением информационно-телекоммуникационных сетей. При освоении дисциплины «Методы анализа молекулярно-генетических данных» используются следующие технологии:

▪ кейсовая технология – форма дистанционного обучения, основанная на предоставлении обучающимся информационных образовательных ресурсов в виде специализированных наборов учебно-методических комплексов с использованием различных видов носителей информации (кейсов);

▪ интернет-технология – способ дистанционной передачи информации, основанный на использовании глобальных и локальных компьютерных сетей для обеспечения доступа обучающихся к информационным образовательным ресурсам и для формирования совокупности методических, организационных, технических и программных средств реализации и управления учебным процессом независимо от места нахождения его субъектов. Используется Образовательный портал ИГУ - educa.isu.ru.

#### **Наименование тем занятий с использованием активных форм обучения:**

	Тема занятия	Вид занятия	Форма / Методы интерактивного обучения	Кол-во часов
Итого часов				

#### **VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И**

## ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

### *Оценочные материалы для входного контроля*

В качестве оценочных средств для входного контроля оценки уровня знаний студентов используется собеседование. В процессе собеседования оценивается уровень владения базовыми знаниями, умениями, навыками, необходимыми для начала обучения по дисциплине «Методы анализа молекулярно-генетических данных», определяется степень владения новым материалом до начала его изучения.

### *Оценочные материалы текущего контроля формируются в соответствии с ЛНА университета*

В рамках дисциплины «Методы анализа молекулярно-генетических данных» используются следующие формы текущего контроля:

- устный опрос;
- коллоквиум;
- тест;
- контроль самостоятельной работы.

#### Фонд оценочных средств включает:

- фонд тестовых заданий по дисциплине,
- тематика и материалы заданий,
- тематика и вопросы к коллоквиумам,
- вопросы для самостоятельного изучения (СРС)
- вопросы и билеты для экзамена,
- критерии оценки знаний студентов.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенции ПК-2.1, ПК-2.3 ПК-3.1 (см. п. III).

### **Демонстрационные варианты тестов для текущего контроля**

1) Нуклеотидное выравнивание это:

А) Это сопоставление двух и более последовательностей для определения их уровня идентичности с учетом, как замен, так и вставок, делеций.

Б) Набор теоретических или эмпирических правил, описывающих процесс замещения нуклеотидов или аминокислот в ходе эволюции последовательности ДНК.

В) Метод датирования филогенетических событий.

2) Модель нуклеотидных замен Jukes-Cantor (JC) подразумевает собой:

А) Она предполагает одинаковые частоты нуклеотидов (25%) и одинаковую вероятность замещения между любой парой нуклеотидов.

Б) Частоты нуклеотидов могут отличаться от 0.25, все замены одинаково вероятны.

В) одинаковые частоты встречаемости нуклеотидов, вероятность замен различна для транзиций и трансверсий.

3) Транзиций это:

А) Замена одного пуринового основания на другое, либо замена одного пиримидинового основания на другое.

Б) Замена пуринового основания на пиримидиновое основание или наоборот.

В) Встраивается одного или нескольких нуклеотидов.

### **Вопросы для подготовки к коллоквиумам**

#### ***Тема 1. История возникновения биоинформационных методов анализа молекулярно-генетических данных, фундаментальные и прикладные аспекты***

1. Предмет изучения дисциплины “методы анализа молекулярно-генетических данных”.
2. История возникновения, цели и задачи.

3. фундаментальные и прикладные аспекты.
4. Современный уровень развития методов анализа молекулярно-генетических данных
5. Доклад (презентация) по темам, указанным в таблице 4.2.

***Тема 2. Основные направления биоинформатики: Биоинформатика последовательностей; Структурная биоинформатика; Компьютерная геномика***

1. Основные задачи биоинформатики, связанные с анализом отдельных последовательностей.
2. Распознавание генов.
3. Предсказание сайтов связывания регуляторных белков.
4. Предсказание вторичной структуры РНК последовательностью.
5. Структурная биоинформатика.
6. Компьютерная геномика.
7. Сравнительный анализ структур родственных белков, классификация белков на основе их пространственной структуры.
8. Анализ структур комплексов двух или нескольких молекул белка, комплексов молекул белка с другими молекулами.
9. Предсказание воздействия молекул химических веществ (в частности, потенциальных лекарств) на молекулы белков.

***Тема 3. Основные базы данных биологической информации***

1. Определение и основные характеристики биологических баз данных.
2. Типы биологических баз данных.
3. Архивные базы данных.
4. Курируемые базы данных.
5. Базы данных: GeneBank (NCBI), EMBL (European Molecular Biology Laboratory), PDB (Protein Data Bank).
6. Базы данных: SwissProt, SCOP (Structural Classification Of Proteins), PFAM (Protein families database of alignments and HMMs).
7. Базы данных: UniGene, PROSITE (PROtein SITEs), ENSEMBL.
8. Доклад (презентация) по темам, указанным в таблице 4.2.

***Тема 4. Выравнивание биологических последовательностей***

1. Биологический смысл выравнивания аминокислотных и нуклеиновых последовательностей.
2. Матрицы аминокислотных замен PAM, Blosum, Gonnet. Основные отличия матриц PAM и Blosum.
3. Прогрессивный алгоритм выравнивания биологических последовательностей. Метод ближайшего соседа (Nearest Neighbors). Метод UPGMA (метод невзвешенного попарного среднего).
4. Программы для множественного выравнивания аминокислотных и нуклеотидных последовательностей. Программы серии Clustal. Пакет программ BLAST.
5. Blastn, megablast, dmegablast.
6. Blastp, psi-blast, phi-blast, blastx, tblast, tblastx.
7. Доклад (презентация) по темам, указанным в таблице 4.2.

***Тема 5. Модели нуклеотидных замен.***

1. Определение, общие понятия и практические применения для изучения филогенеза и эволюционного процесса в целом.
2. Гипотеза молекулярных часов.

3. Теория нейтральной эволюции.
4. Модели нуклеотидных замен (JC69, K80, K2P, F81, HKY85, TN93, GTR).
5. Программы для подбора моделей нуклеотидных замен. Программа “JModelTest 2.1.1.”.
6. Графическая визуализация результатов работы программы “JModelTest 2.1.1.”, с помощью языка программирования “R”.
7. Доклад (презентация) по темам, указанным в таблице 4.2.

#### **Тема 6. Бионика**

1. Определение и основные понятия бионики, современное состояние.
2. Биологическая бионика, теоретическая бионика, техническая бионика.
3. Нейробионика.
4. Модели нейронных сетей: модель Маккалоха, Розенблата, Хопфилда.
5. Нейрокомпьютинг.
6. Днк-компьютинг.
7. Доклад (презентация) по темам, указанным в таблице 4.2.

#### **Оценочные материалы для промежуточной аттестации в форме**

Форма промежуточной аттестации - *экзамен*. Система оценок: пятибалльная. ОС этого типа должны выявлять степень освоения теоретических знаний как базу для формирования компетенций, умения их применять в ситуациях, моделирующих профессиональную деятельность, а также сформированность элементы компетенции ПК-2, ПК-3 заявленной в п. III.

#### **Примерный список вопросов к экзамену**

1. Матрицы аминокислотных и нуклеотидных замен.
2. Алгоритм BLAST. Параметры поиска.
3. Виды филогенетических деревьев. Понятия и термины.
4. Программа для множественного нуклеотидного и аминокислотного выравнивания CLUSTAL.
5. Технология секвенирования нового поколения.
6. Методы предсказания пространственной структуры РНК.
7. Парное и множественное нуклеотидное выравнивание.
8. Модели нуклеотидных замен. Теоретические и эмпирические правила.
9. Гипотеза молекулярных часов.
10. Модель нуклеотидных замен Jukes-Cantor (JC).
11. Базы данных нуклеотидных и белковых последовательностей.
12. Предсказание генов. Определение кодирующих и регулирующих последовательностей ДНК в геноме.
13. Двухпараметрическая модель нуклеотидных замен Кимуры.
14. Компьютерная геномика.
15. Нейтральная теория молекулярной эволюции.
16. Нейробионика (цели, задачи, современный уровень развития, перспективы).
17. Днк-компьютинг.
18. Модели нейронных сетей: модель Маккалоха, Розенблата, Хопфилда.
19. Суть метода UPGMA (метод невзвешенного попарного среднего).
20. Суть метода ближайшего соседа (Nearest Neighbors).
21. Матрицы аминокислотных замен PAM, Blosum, Gonnet.
22. Базы данных: GeneBank (NCBI), EMBL (European Molecular Biology Laboratory).
23. Типы и характеристики биологических баз данных.
24. Биоинформационные структурные методы.

25. Биологическая бионика, теоретическая бионика, техническая бионика.

**Разработчики:**

  
\_\_\_\_\_

(подпись)

доцент А.С. Столбиков

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению 06.04.01 «Биология» и профилю подготовки «Биохимия и молекулярная биология».

Программа рассмотрена на заседании кафедры биохимии, молекулярной биологии и генетики.

« 06 » марта 2023 г.

Протокол № 7 Зав. кафедрой 

*Настоящая программа, не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы.*