

Документ подписан простой электронной подписью  
Информация о владельце:  
ФИО: Лужанин Владимир Геннадьевич  
Должность: Ректор  
Дата подписания: 02.12.2024 14:50:43  
Уникальный программный ключ:  
d56ba45a9b6e5c64a319e2c5ae3bb2cddb840af0

## АННОТАЦИЯ РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЫ ДИСЦИПЛИНЫ

Б1.В.05 Биоинформатика в производстве лекарственных средств

**Код и направление подготовки:** 19.04.01 Биотехнология

**Квалификация выпускника:** Магистр

**Форма обучения:** Очная

**Формируемые компетенции:**

ОПК-2 Способен использовать специализированное программное обеспечение, базы данных, адаптировать известные программные продукты, элементы искусственного интеллекта для решения задач профессиональной деятельности

В результате освоения дисциплины у обучающихся должны быть:

– сформированы умения:

использовать основные подходы и методы биоинформатики для решения конкретных научноисследовательских задач

– сформированы знания:

основополагающие концепции биоинформатики; круг основных задач, которые решаются в рамках биоинформатики; информационные технологии, которые используются при решении задач биоинформатики; способы получения, организации и анализа данных

– сформированы навыки:

работы на специализированном программном обеспечении, владеть базами данных, адаптировать известные программные продукты, элементы искусственного интеллекта для решения задач профессиональной деятельности

### Объем и место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина относится к вариативной части образовательной программы в соответствии с ФГОС, в соответствии с учебным планом изучается на 1 курсе в 1 семестре. Общая трудоемкость дисциплины составляет 144 часа.

### Содержание дисциплины:

3.2. Содержание дисциплины.

Раздел 1 Введение в биоинформатику и информационную биологию.

Тема 1.1. История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика.

Тема 1.2. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач.

Тема 1.3. 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.

Тема 1.4. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).

Раздел 2 Природа и сложности интерпретации биологических данных.

Тема 2.1. Типы биологических данных.

Тема 2.2. Сложности при работе с биологическими данными

Раздел 3. Методы анализа данных и текстовой информации в биологии.

Тема 3.1. Основное ПО, используемое при работе в области создания ЛС.

Тема 3.2. Особенности работы с ПО для создания ГИС.

Тема 3.3. Особенности работы с ПО для прогнозирования биологической активности

Раздел 4. Структурная биоинформатика.

Тема 4.1. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD).

Тема 4.2. 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 аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller

**Формы текущего контроля и промежуточной аттестации:**

Промежуточная аттестация проводится в форме зачета.