


**МИНОБРНАУКИ РОССИИ**  
**Ярославский государственный университет им. П.Г. Демидова**

Кафедра ботаники и микробиологии

УТВЕРЖДАЮ

Декан факультета биологии и экологии



О.А. Маракаев  
«21» мая 2024 г.

**Рабочая программа**  
**«Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии»**

Направление подготовки  
06.04.01 Биология

Направленность (профиль)  
«Экспериментальная биология и биотехнологии»

Форма обучения  
очная

Программа одобрена  
на заседании кафедры  
протокол № 9 от «15» апреля 2024 года

Программа одобрена  
НМК факультета биологии и экологии  
протокол № 6 от «29» апреля 2024 года

Ярославль

### 1. Цель освоения дисциплины

Целями освоения дисциплины «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии» являются изучение основных методов биоинформатики и приобретения навыков их практического использования для решения фундаментальных и прикладных проблем биологии.

### 2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений Блока 1.

Для освоения данной дисциплиной студенты должны иметь представление о молекулярной биологии, генетике и геномной инженерии.

Полученные в курсе «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии» знания необходимы для прохождения практики по профилю профессиональной деятельности, преддипломной практики, в том числе выполнения научно-исследовательской работы, а также для продолжения обучения в аспирантуре по направлению «Биологические науки».

### 3. Планируемые результаты обучения по дисциплине, соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Процесс изучения дисциплины направлен на формирование следующих элементов компетенций в соответствии с ФГОС ВО, ООП ВО и приобретения следующих знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности:

Формируемая компетенция (код и формулировка)	Индикатор достижения компетенции (код и формулировка)	Перечень планируемых результатов обучения
<b>Профессиональные компетенции</b>		
ПК-1.Способен организовывать отбор, обработку, анализ биологических проб, контролировать состояние экосистем с использованием современного оборудования и вычислительных комплексов при решении задач экспериментальной биологии и биотехнологии	ПК-1.1. Осуществляет и руководит поиском научной информации, подготовкой аналитических научных обзоров, выбором технических средств и методов, обработкой и систематизацией данных производственных и лабораторных наблюдений и измерений при решении поставленных научно-исследовательских задач	<b>Знает:</b> - основы биоинформатики, применяемые на практике методы программирования. <b>Умеет:</b> - самостоятельно получать и анализировать информацию из библиографической базы и банков нуклеотидных и полипептидных последовательностей. <b>Владеет:</b> - навыками работы с биоинформационными ресурсами, биоинформационными программными инструментами поиска информации в базах данных.
	ПК-1.2. Применяет современные методы организации отбора и аналитических исследований биологических проб с использованием биоинформационного анализа и вычислительных	

	<p>комплексов, методы экспериментальной микробиологии и экобиотехнологии для контроля состояния экосистем и их восстановления</p>	<p>собственных результатов.  <b>Владеет:</b>  - методами экспериментальной микробиологии и экобиотехнологии для контроля состояния экосистем.</p>
<p>ПК-2. Способен планировать и реализовывать профессиональные мероприятия, предлагать новые решения при организации научно-исследовательских и производственных биотехнологических работ.</p>	<p>ПК-2.1. Применяет принципы биоинженерии и биоинформационного анализа при реализации профессиональных мероприятий</p>	<p><b>Знает:</b>  - принципы генетической инженерии и возможности ее использования в биотехнологии.  <b>Умеет:</b>  - использовать основные подходы и методы биоинформационного анализа для решения конкретных научно-исследовательских и профессиональных задач.  <b>Владеет:</b>  - способностью использовать современную вычислительную технику и специализированное программное обеспечение в научно-исследовательской работе.</p>
	<p>ПК-2.2. Предлагает новые решения при организации научно-исследовательских и производственных биотехнологических работ на основе знаний принципов и методов физиологии, биомедицины, фармакологии, аналитических исследований, контроля качества на фармацевтическом производстве</p>	<p><b>Знает:</b>  - последние достижения и новые разработки в области биоинформатики.  <b>Умеет:</b>  - использовать современное научное оборудование в профессиональной области.  <b>Владеет:</b>  - методами разработки новых программ для решения задач в области биоинформатики.</p>

#### 4. Объем, структура и содержание дисциплины.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 5 зачетных единицы, 180 акад. часов.

№ п/п	Темы (разделы) дисциплины, их содержание	Семестр	Виды учебных занятий, включая самостоятельную работу студентов, и их трудоемкость (в академических часах)						Формы текущего контроля успеваемости Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
			Контактная работа						
			лекции	практические	лабораторные	консультации	аттестационные испытания	самостоятельная работа	
1	Основы программирования на языке Python	3	10	10		2		20	Задания для самостоятельной работы
2	Введение в биоинформатику	3	5	5				20	Задания для самостоятельной работы Контрольная работа
3	Алгоритмы в биоинформатике	3	5	5				20	Задания для самостоятельной работы Контрольная работа
4	Практическая биоинформатика	3	10	10				20	Задания для самостоятельной работы Контрольная работа
						2	0,3	35,7	Зачет
	<b>Всего за семестр</b>		<b>30</b>	<b>30</b>		<b>4</b>	<b>0,3</b>	<b>115,7</b>	

#### 4.1 Информация о реализации дисциплины в форме практической подготовки

##### Информация о разделах дисциплины и видах учебных занятий, реализуемых в форме практической подготовки

№ п/п	Темы (разделы) дисциплины, их содержание	Семестр	Виды учебных занятий, включая самостоятельную работу студентов, и их трудоемкость (в академических часах)						Место проведения занятий в форме практической подготовки
			Контактная работа						
			лекции	практические	лабораторные	консультации	аттестационные испытания	самостоятельная работа	
1	Основы программирования на языке Python			10					Факультет биологии и экологии ЯрГУ
2	Введение в биоинформатику			5					Факультет биологии и экологии ЯрГУ
3	Алгоритмы в биоинформатике			5					Факультет биологии и экологии ЯрГУ
4	Практическая биоинформатика			10					Факультет биологии и экологии ЯрГУ
	<b>Итого за 3 семестр</b>			<b>30</b>					

#### 5. Общие положения

Содержание разделов дисциплины:

##### **Тема 1. Основы программирования на языке Python.**

Работа в интегрированной системе разработки PyCharmCommunity. Интерпретируемые и компилируемые языки программирования – преимущества и недостатки. Операции с целыми и вещественными числами. Типы данных. Переменные. Стандартный ввод и вывод. Логические операции, операции сравнения. Условия: if, else, elif. Блоки и отступы. Синтаксис языка Python. Строки. Основные операции и свойства. Цикл while. Операторы break and continue. Цикл for. Строки и символы. Списки. Функции. Словари. Файловый ввод и вывод. Установка и использование дополнительных библиотек на примерах BioPython и XML. Основные библиотеки для анализа данных – Matplotlib, Numpy, Pandas.

##### **Тема 2. Введение в биоинформатику.**

Биоинформатика как инструмент биолога. Организация живых систем на молекулярном уровне. Биологические макромолекулы: ДНК, РНК и белки. Центральная догма молекулярной биологии *insilico*. Компьютерное представление биологических данных. Методы получения биологической информации. Методы секвенирования. Новое поколение геномных секвенаторов – Illumina. Новые методы прочтения ДНК – Oxford Nanopore, Pacific Bioscience. Революция прочтения одиночных клеток. Основные форматы записи в биоинформатике – Fasta, Fastq, GeneBank, GTF, VCF. Важные структуры данных в биоинформатике – графы и деревья.

### **Тема 3. Алгоритмы в биоинформатике.**

Обзор задач и подходов современной биоинформатики. Выравнивание двух последовательностей – глобальное и локальное выравнивание. Редакционное расстояние. Множественное выравнивание. Филогенетические деревья. Построение деревьев методом UnweightedPairGroupMethodwithArithmeticmean (UPGMA) и NeighborJoining (NJ). Нахождение мотивов в последовательностях. Сортировка и ее практическое применение.

### **Тема 4. Практическая биоинформатика.**

Возможности использования методов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач молекулярной биологии. Поиск гомологов белков и нуклеиновых кислот (инструменты BLAST). Работа с базой данных NCBI, OMIM, ENSEMBLE, Uniprot, PDB, PFAM. Множественное выравнивание последовательностей (MSA) – ClustalOmega, MUSCLE, T-Coffee. Построение деревьев на основе MSA. Простейшая сборка генома по коротким последовательностям. Задача аннотации геномов. Исследования 3-х мерной укладки генома. Современные методы генотипирования – 16S, short-tandem repeats, micro-array. Метагеномные исследования. Исследование структуры РНК. Рибосомальный профайлинг. Прочтение транскриптома одиночных клеток. Масс-спектрометрические методы анализа – метаболомика и протеомика. Медицинская биоинформатика. Изучение иммунологических репертуаров. Исследования на генетические ассоциации.

## **6. Образовательные технологии, используемые при осуществлении образовательного процесса по дисциплине**

Учебный курс строится на сочетании лекционных и практических занятий, а также самостоятельной работы студентов.

**Лекции** проводятся в интерактивной форме с применением мультимедийных технологий, демонстрационных технологий. Они предполагают последовательное изложение материала, осуществляемое преимущественно в виде монолога преподавателя. Требования к лекции: современный научный уровень и насыщенная информативность, убедительная аргументация, доступная и понятная речь, четкая структура и логика, наличие ярких примеров, научных доказательств, обоснований, фактов.

**Практическое занятие** – занятие, посвященное освоению конкретных умений и навыков по закреплению полученных на лекции знаний.

**Консультации** – вид учебных занятий, являющийся одной из форм контроля самостоятельной работы студентов. На консультациях по просьбе студентов рассматриваются наиболее сложные моменты при освоении материала дисциплины, преподаватель отвечает на вопросы студентов, которые возникают у них в процессе самостоятельной работы.

**Самостоятельная работа** студентов направлена на углубление и закрепление знаний, развитие практических умений и включает: подготовку индивидуальных домашних заданий; подготовка к контрольным работам, зачету.

Самостоятельная работа студентов включает использование библиотечного фонда и электронно-библиотечной системы, подготовку рефератов по темам с использованием дополнительной литературы и журналов «Математическая биология и биоинформатика», «Молекулярная биология», «Генетика» и др. В период самостоятельной подготовки студенты имеют возможность обсудить заданные вопросы с преподавателем.

Оценка результатов самостоятельной работы организуется следующим образом: публичное представление реферата с использованием презентационных материалов; выполнение заданий текущего и промежуточного контроля; взаимное оценивание выступлений и дискуссии на коллоквиуме.

В процессе обучения используются следующие технологии электронного обучения и дистанционные образовательные технологии:

**Электронный учебный курс «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии» в LMS Электронный университет MoodleЯрГУ, в котором:**

- представлены задания для самостоятельной работы обучающихся по темам дисциплины;
- осуществляется проведение отдельных мероприятий текущего контроля успеваемости студентов;
- представлены правила прохождения промежуточной аттестации по дисциплине;
- представлен список учебной литературы, рекомендуемой для освоения дисциплины;
- посредством форума осуществляется синхронное и (или) асинхронное взаимодействие между обучающимися и преподавателем в рамках изучения дисциплины.

**7. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине, включая перечень лицензионного программного обеспечения и информационных справочных систем (при необходимости)**

В процессе осуществления образовательного процесса используются:

- операционные системы семейства Microsoft Windows;
- программы Microsoft Office;
- программа Adobe Acrobat Reader;
- браузеры Mozilla Firefox, Google Chrome.

**8. Перечень основной и дополнительной учебной литературы, ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины**

**а) основная литература**

1. Наглядная биотехнология и генетическая инженерия / Р. Шмид; пер. с нем. А.А.Виноградовой, А.А.Синюшина; под. ред. Т.П. Мосоловой, А.А. Синюшина, М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2015. 327 с.

**б) дополнительная литература**

1. Леск А. Введение в биоинформатику / А. Леск; пер. с англ. под ред. А.А. Миронова, В.К. Швядаса. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. 318 с.

2. Информатика: базовый курс: учеб. пособие для вузов / под ред. С.В. Симоновича. СПб.: Питер, 2007. 639 с.

**в) ресурсы сети «Интернет»**

- Онлайн курс по «Программирование на Python» на платформе Stepik  
<https://stepik.org/course/67/>
- Онлайн курс по «Молекулярная филогенетика» на платформе Stepik  
<https://stepik.org/course/2054/>
- Онлайн курс по «Биотехнологии: генная инженерия» на платформе Stepik  
<https://stepik.org/course/94/>
- Онлайн курс по «Молекулярная биология и генетика» на платформе Stepik  
<https://stepik.org/course/70/>
- Онлайн сборник задач по биоинформатике Rosalind  
<https://rosalind.info/>

**9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине**

Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине включает в свой состав специальные помещения:

- учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа;
- учебные аудитории для проведения практических занятий;
- учебные аудитории для проведения групповых и индивидуальных консультаций;
- учебные аудитории для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации;
- помещения для самостоятельной работы;
- помещения для хранения и профилактического обслуживания технических средств обучения.

Специальные помещения укомплектованы средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории (персональный компьютер, мультимедийная установка, настенный проекционный экран).

Для проведения занятий лекционного типа предлагаются наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий, хранящиеся на электронных носителях и обеспечивающие тематические иллюстрации, соответствующие рабочей программе дисциплины.

Для проведения практических занятий используются: персональный компьютер, мультимедийная установка, настенный проекционный экран.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации.

Авторы:

Научный сотрудник Института Макса  
Планка по Биохимии, Ph.D.



П.Г. Синицын

Доцент кафедры  
ботаники и микробиологии, к.б.н.



Ю.В. Зайцева



**Приложение №1 к рабочей программе дисциплины  
«Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии»**

**Фонд оценочных средств  
для проведения текущей и промежуточной аттестации студентов  
по дисциплине**

**1. Типовые контрольные задания или иные материалы,  
необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности,  
характеризующих этапы формирования компетенций**

**1.1 Контрольные задания и иные материалы,  
используемые в процессе текущей аттестации**

**Примеры типовых заданий для самостоятельной работы студентов**

Задача 1. В чем отличия и сходства между алгоритмом Нидлмана – Вунша и Смита – Ватермана? Напишите две функции на языке python, демонстрирующий принцип работы двух алгоритмов.

Задача 2. Самостоятельно придумайте программу на Python, в которой бы использовался цикл while.

Задача 3. Напишите программу, которая бы выполняла следующую задачу: перевод строки РНК в строку аминокислот.

**Контрольные вопросы по теме:  
«Введение в биоинформатику»**

1. Структура и функции нуклеиновых кислот.
2. Структура и функции белков.
3. Центральная догма молекулярной биологии *insilico*.
4. Методы получения биологической информации.
5. Методы секвенирования. Новое поколение геномных секвенаторов – Illumina.
6. Новые методы прочтения ДНК – Oxford Nanopore, Pacific Bioscience.
7. Революция прочтения одиночных клеток.
8. Компьютерное представление биологических данных.
9. Основные форматы записи в биоинформатике – Fasta, Fastq, GeneBank, GTF, VCF.
10. Важные структуры данных в биоинформатике – графы и деревья.

**Контрольные вопросы по теме:  
«Алгоритмы в биоинформатике»**

1. Выравнивание двух последовательностей – глобальное и локальное выравнивание.
2. Множественное выравнивание.
3. Филогенетические деревья.
4. Построение деревьев методом Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA).
5. Построение деревьев методом NeighborJoining (NJ).
6. Нахождение мотивов в последовательностях.
7. Сортировка и ее практическое применение.

**Контрольные вопросы по теме:  
«Практическая биоинформатика»**

1. Использование инструментов BLAST для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот.
2. Базы данных NCBI, OMIM, ENSEMBLE, Uniprot, PDB, PFAM.
3. Множественное выравнивание последовательностей (MSA) – ClustalOmega, MUSCLE, T-Coffee.
4. Построение деревьев на основе MSA.
5. Простейшая сборка генома по коротким последовательностям.
6. Метод генотипирования на основе последовательности генов 16S рРНК.
7. Метагеномный анализ.
8. Рибосомальный профайлинг.
9. Масс-спектрометрические методы анализа – метаболомика и протеомика.

**1.2 Список вопросов и (или) заданий для проведения промежуточной аттестации**

**Список вопросов к зачету**

(зачет выставляется по результатам выполнения всех форм текущего контроля, промежуточной аттестации и краткого собеседования со студентом)

1. Каким открытиям и достижениям в молекулярной биологии, генетике и информатике обязана своим возникновением биоинформатика?
2. Основные задачи биоинформатики.
3. Интерпретируемые и компилируемые языки программирования – преимущества и недостатки.
4. Операции с целыми и вещественными числами. Типы данных. Переменные.
5. Установка и использование дополнительных библиотек на примерах BioPython и XML.
6. Основные библиотеки для анализа данных – Matplotlib, Numpy, Pandas.
7. Центральная догма молекулярной биологии *in silico*.
8. Основные форматы в биоинформатике – Fasta, Fastq, GeneBank, GTF, VCF.
9. Нахождение мотивов в последовательностях – сайт рестрикции, амплификации и многие другие.
10. Сортировка и ее практическое применение.
11. Важные структуры данных в биоинформатике – графы и деревья.
12. Простейшая сборка генома по коротким последовательностям.
13. Выравнивание двух последовательностей – глобальное и локальное выравнивание. Редакционное расстояние. Множественное выравнивание.
14. Филогенетические деревья. Построение деревьев методом Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA) и NeighborJoining (NJ).
15. Обзор задач и подходов современной биоинформатики.
16. Современные методы генотипирования – 16S, short-tandem repeats, micro-array.
17. Новое поколение геномных секвенаторов – Illumina. Революция прочтения одиночных клеток.
18. Новые методы прочтения ДНК – Oxford Nanopore, Pacific Bioscience.
19. Масс-спектрометрические методы анализа – метаболомика и протеомика.
20. Исследование структуры РНК. Рибосомальный профайлинг.

### **Правила выставления оценки за задания**

- *Отлично* выставляется за полные, развернутые с объяснением полученных результатов, ответы на все поставленные в задании задачи.
- *Хорошо* выставляется за неполный ответ с допущением ряда непринципиальных ошибок на все поставленные в задании задачи.
- *Удовлетворительно* выставляется за ответы на поставленные в задании задачи, в котором вопросы освещены более чем наполовину, включая главное в содержании.
- *Неудовлетворительно* выставляется за ответы, в которых поставленные задачи освещены менее половины требуемого материала или нет ответов, или письменная работа не сдана.

### **Правила выставления оценки за контрольную работу**

- *Отлично* выставляется за полные ответы на все вопросы с включением в ответ содержания лекции, материала учебников и дополнительной литературы.
- *Хорошо* выставляется за полный ответ на вопросы в объеме лекции или ответ с включением в содержание материала учебника, дополнительной литературы, но с незначительными неточностями.
- *Удовлетворительно* выставляется за ответ, в котором освещены в полном объеме два из трех вопросов или освещены все вопросы более чем наполовину, включая главное в содержании.
- *Неудовлетворительно* выставляется за ответ, в котором освещен в полном объеме один из трех вопросов, или освещены менее половины требуемого материала или не описано главное в содержании вопросов, или нет ответов, или письменная работа не сдана.

### **Правила выставления оценки на зачете**

Устный ответ студента на зачете оценивается по 2-х балльной системе.

Отметка «зачтено» ставится, если:

- знания отличаются глубиной и содержательностью, дается полный исчерпывающий ответ, как на основные вопросы к зачету, так и на дополнительные;
- студент свободно владеет научной терминологией;
- ответ студента структурирован, содержит анализ существующих теорий, научных школ, направлений и их авторов;
- ответ студента логично и доказательно раскрывает проблему, предложенную для решения;
- ответ студента характеризуется глубиной, полнотой и не содержит фактических ошибок;
- ответ студента иллюстрируется примерами, в том числе из собственной научно-исследовательской деятельности;
- студент демонстрирует умение аргументировано вести диалог и научную дискуссию;
- студент демонстрирует навыки поиска и обработки научной информации и экспериментальных данных.

Отметка «незачтено» ставится, если:

- ответ студента обнаружил незнание или непонимание сущностной части дисциплины;
- содержание вопросов не раскрыто, допускаются существенные фактические ошибки, которые студент не может исправить самостоятельно;
- на большую часть дополнительных вопросов по содержанию зачета студент затрудняется дать ответ или не дает верных ответов;
- студент не демонстрирует навыки поиска и обработки научной информации и экспериментальных данных.

## **Приложение №2 к рабочей программе дисциплины «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии»**

### **Методические указания для студентов по освоению дисциплины**

Изучение курса «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии» направлено на расширение и углубление знаний в области биоинформатики и получении навыков использования современных методов биоинформатики для анализа биологических данных.

Основной формой изложения учебного материала по дисциплине «Биоинформационный анализ в экспериментальной биологии» являются лекции. Предусмотрены также практические занятия, на которых происходит закрепление лекционного материала и знакомство с методами биоинформационного анализа.

Для успешного освоения дисциплины очень важно самостоятельное изучение большого количества теоретического материала. Теоретический материал на лекциях дается в сокращенном изложении (носит преимущественно обзорный характер), поэтому законспектированный на лекциях материал необходимо прорабатывать дома и при необходимости дополнять информацией, полученной из учебной литературы, практических занятий, на консультациях.

Большое внимание должно быть уделено выполнению домашней работы. В качестве заданий для самостоятельной работы дома студентам предлагается решение задач по биоинформатике. Допуск к зачету по дисциплине выставляется по результатам выполнения всех форм текущего и промежуточного контроля знаний.

Освоить теоретическую часть дисциплины самостоятельно студенту сложно в силу большого объема материала. Поэтому посещение всех аудиторных занятий является необходимым.

### **Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов по дисциплине**

Для самостоятельной работы особенно рекомендуется использовать учебную литературу. К таким можно отнести следующие издания:

1. Neil J.C., Pevzner P.A. An introduction to bioinformatics algorithms. MIT press, 2004.
2. Дурбин Р., Эдди Ш., Крэг А., Митчисон Г. Анализ биологических последовательностей. Институт компьютерных исследований, 2006.
3. Бородовский М., Екишева С. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей. Институт компьютерных исследований, 2008.
4. Стефанов В., Тулуб А., Мавропуло-Столяренко Г. Биоинформатика. Юрайт, 2018.