

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«Горно-Алтайский государственный университет»
(ФГБОУ ВО ГАГУ, ГАГУ, Горно-Алтайский государственный университет)

Компьютерный анализ молекулярно-биологических данных

рабочая программа дисциплины (модуля)

Закреплена за кафедрой **кафедра биологии и химии**

Учебный план 06.03.01_2025_115.plx
06.03.01 Биология
Биологические системы, биоэкология и биотехнология

Квалификация **бакалавр**

Форма обучения **очная**

Общая трудоемкость **2 ЗЕТ**

Часов по учебному плану	72	Виды контроля в семестрах: зачеты 3
в том числе:		
аудиторные занятия	22	
самостоятельная работа	40,5	
часов на контроль	8,85	

Распределение часов дисциплины по семестрам

Семестр (<Курс>.&b><Семестр на курсе>)	3 (2.1)		Итого	
Неделя	17 2/6			
Вид занятий	УП	РП	УП	РП
Лекции	10	10	10	10
Лабораторные	12	12	12	12
Консультации (для студента)	0,5	0,5	0,5	0,5
Контроль самостоятельной работы при проведении аттестации	0,15	0,15	0,15	0,15
Итого ауд.	22	22	22	22
Контактная работа	22,65	22,65	22,65	22,65
Сам. работа	40,5	40,5	40,5	40,5
Часы на контроль	8,85	8,85	8,85	8,85
Итого	72	72	72	72

Программу составил(и):

к.б.н., доцент, Малков П.Ю.

Рабочая программа дисциплины

Компьютерный анализ молекулярно-биологических данных

разработана в соответствии с ФГОС:

Федеральный государственный образовательный стандарт высшего образования - бакалавриат по направлению подготовки 06.03.01 Биология (приказ Минобрнауки России от 07.08.2020 г. № 920)

составлена на основании учебного плана:

06.03.01 Биология

утвержденного учёным советом вуза от 30.01.2025 протокол № 2.

Рабочая программа утверждена на заседании кафедры

кафедра биологии и химии

Протокол от 11.04.2025 протокол № 8

Зав. кафедрой Польникова Елена Николаевна

Визирование РПД для исполнения в очередном учебном году

Рабочая программа пересмотрена, обсуждена и одобрена для
исполнения в 2026-2027 учебном году на заседании кафедры
кафедра биологии и химии

Протокол от _____ 2026 г. № ____
Зав. кафедрой Польникова Елена Николаевна

Визирование РПД для исполнения в очередном учебном году

Рабочая программа пересмотрена, обсуждена и одобрена для
исполнения в 2027-2028 учебном году на заседании кафедры
кафедра биологии и химии

Протокол от _____ 2027 г. № ____
Зав. кафедрой Польникова Елена Николаевна

Визирование РПД для исполнения в очередном учебном году

Рабочая программа пересмотрена, обсуждена и одобрена для
исполнения в 2028-2029 учебном году на заседании кафедры
кафедра биологии и химии

Протокол от _____ 2028 г. № ____
Зав. кафедрой Польникова Елена Николаевна

Визирование РПД для исполнения в очередном учебном году

Рабочая программа пересмотрена, обсуждена и одобрена для
исполнения в 2029-2030 учебном году на заседании кафедры
кафедра биологии и химии

Протокол от _____ 2029 г. № ____
Зав. кафедрой Польникова Елена Николаевна

1. ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	
1.1	<i>Цели:</i> освоение студентом принципов биоинформатического подхода к представлению, анализу и интерпретации биологических данных, прежде всего, последовательностей нуклеиновых кислот и про-теинов; использования современных информационных технологий для сбора, обработки и распространения научной информации в области биотехнологии и смежных отраслей, использования баз данных, программных продуктов и ре-сурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»; проведения анализа научной и технической информации в области биотехнологии и смежных дисциплин с целью научной, патентной и маркетинговой поддержки проводимых фундаментальных исследований и технологических разработок.
1.2	<i>Задачи:</i> - освоить основные информационные ресурсы в области молекулярной биологии, в том числе в сети Интернет, и уметь активно ими пользоваться при решении научных и практических задач; - освоить приемы работы с базами данных последовательностей нуклеиновых кислот, белковых последовательностей, специализированными базами данных в глобальных компьютерных сетях; - приобрести навыки использования программных средств для анализа биологических последовательностей с помощью современных методов биоинформатики

2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ООП	
Цикл (раздел) ООП:	Б1.В.ДВ.03
2.1 Требования к предварительной подготовке обучающегося:	
2.1.1	Науки о биологическом многообразии
2.1.2	Информационные и цифровые технологии
2.1.3	Статистические методы обработки экспериментальных данных
2.1.4	Методология самостоятельной работы студентов
2.1.5	Химия
2.1.6	Цитология
2.2 Дисциплины и практики, для которых освоение данной дисциплины (модуля) необходимо как предшествующее:	
2.2.1	Биологическая химия и молекулярная биология
2.2.2	Генетика и селекция
2.2.3	Биологическое разнообразие
2.2.4	Молекулярно-генетические методы исследования
2.2.5	Теория эволюции
2.2.6	Биотехнология
2.2.7	Практика по биотехнологии
2.2.8	Теория систематики и методика полевых исследований

3. КОМПЕТЕНЦИИ ОБУЧАЮЩЕГОСЯ, ФОРМИРУЕМЫЕ В РЕЗУЛЬТАТЕ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)	
ПК-3: Способен разрабатывать маркерные системы и протоколы проведения мониторинга потенциально опасных биообъектов.	
ИД-1.ПК-3: Знает методы проведения мониторинга биообъектов.	
базовые подходы и методы информационной биологии, применяемые для реализации биологического мониторинга.	
ИД-2.ПК-3: Умеет разрабатывать маркерные системы и протоколы проведения мониторинга.	
организовывать поиск информации в базах данных и использовать возможности программных средств и сетевых технологий для молекулярно-биологических исследований.	
ИД-3.ПК-3: Осуществляет мониторинг биообъектов.	
владеет навыками использования программных средств для анализа биологических последовательностей с помощью современных методов биоинформатики	

4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)							
Код занятия	Наименование разделов и тем /вид занятия/	Семестр / Курс	Часов	Компетен-ции	Литература	Инте-ракт.	Примечание
	Раздел 1. Основные направления применения компьютерного анализа в молекулярно-биологических исследованиях. базовые принципы и подходы.						
1.1	Цели, задачи и методы информационной биологии, основные приложения. Основные понятия, фундаментальные положения. Аминокислоты, строение и свойства. ДНК, РНК, нуклеотиды. Базовые принципы анализа последовательностей. /Лек/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
	Раздел 2. Основные информационные ресурсы в сети Интернет в области молекулярно-биологических						
2.1	Основы структур баз данных. Форматы записи молекулярно-биологических данных. Классификация баз данных. Основные базы данных. /Лек/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1	0	
2.2	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.	3	4	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
2.3	Базы данных в информационной биологии. /Ср/	3	10,5	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
	Раздел 3. Сравнение последовательностей						
3.1	Математические основы выравнивания последовательностей символов. Анализ последовательностей нуклеотидов. Матрицы аминокислотных замен. Парное и множественное выравнивание. /Лек/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1	0	

3.2	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. /Лаб/	3	4	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
3.3	Сравнение последовательностей. /Ср/	3	10	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
	Раздел 4. Методы определения пространственной структуры биополимеров						
4.1	Методы определения пространственной структуры биополимеров /Лек/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
4.2	Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей. Предсказание вторичной структуры. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Моделирование гомологов. /Лаб/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
4.3	Методы определения пространственной структуры биополимеров /Ср/	3	10	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
	Раздел 5. Алгоритмы анализа молекулярно-биологических данных в филогении.						
5.1	Эволюция на уровне молекул и филогения. /Лек/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1	0	
5.2	Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов). Филогенетическое дерево. Модели эволюции. Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных. /Лаб/	3	2	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
5.3	Эволюция на уровне молекул /Ср/	3	10	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
	Раздел 6. Консультации						
6.1	Консультация по дисциплине /Конс/	3	0,5	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
	Раздел 7. Промежуточная аттестация (зачёт)						
7.1	Подготовка к зачёту /Зачёт/	3	8,85	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	

7.2	Контактная работа /КСРАтт/	3	0,15	ИД-1.ПК-3 ИД-2.ПК-3 ИД-3.ПК-3	Л1.1Л2.1 Л2.2	0	
-----	----------------------------	---	------	-------------------------------------	---------------	---	--

5. ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

5.1. Пояснительная записка

1. Назначение фонда оценочных средств.

Оценочные средства предназначены для контроля и оценки образовательных достижений обучающихся, освоивших программу учебной дисциплины Компьютерный анализ молекулярно-биологических данных

2. Фонд оценочных средств включает контрольные материалы для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации в форме тестовых заданий, вопросов к зачету.

3. Структура и содержание заданий разработаны в соответствии с рабочей программой дисциплины Компьютерный анализ молекулярно-биологических данных

5.2. Оценочные средства для текущего контроля

Пример контрольных тестов

1. Биоинформатика - это

А) набор статистических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;

Б) набор физических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;

В) набор компьютерных методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;

Г) набор химических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;

Д) набор биологических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов.

2. Биоинформатика - это

А) междисциплинарная область, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;

Б) область статистики, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;

В) область биохимии, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;

Г) область биофизики, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;

Д) область вирусологии, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные.

3. База данных - это

А) бесконечный объем данных, постоянно управляющийся с помощью СУБД

Б) упорядоченный набор структурированной информации или данных, которые хранятся в электронном виде в компьютерной системе

В) сложная программа, направленная учет входящей информации

Г) бесконечный набор аналоговых сигналов, которые обычно хранятся в памяти компьютера

Д) информация разного типа, которая обычно хранятся в электронном виде в компьютерной системе

4. Реляционная база данных -это

А) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию о точном количестве сравнимых признаков

Б) совокупность не связанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа

В) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа

Г) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах неопределенных значений

Д) совокупность не связанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа

5. Нереляционная база данных -это

А) база данных, в которой хранится строго структурированная информация, явно связанная с другими сравниваемыми признаками сведениями

Б) комплекс аппаратно-программных средств, предназначенных для работы с информацией

В) аналог реляционной базы данных, в которой хранится строго структурированная информация

Г) аналог реляционной базы данных, в которой хранится уникальная информация в свободном доступе

Д) аналог реляционной базы данных, в которой информация хранится без строгой структуры и явной связи между другими сведениями

6. SQL расшифровывается как

- A) structured question line
- Б) structured query language
- В) strong question language
- Г) strict question line
- Д) strict query language

7. Основной задачей SQL является

- А) предоставление простого способа считывания и предоставления пользователю или группе пользователей прав на осуществление определенных операций
- Б) предоставление простого способа считывания и определения пользователю или группе пользователей запрета, который является приоритетным по сравнению с разрешением
- В) предоставление простого способа считывания и записи информации в базу данных
- Г) предоставление уникального способа считывания и записи информации в базу данных
- Д) предоставление информации в формализованном виде и записи информации в базу данных

8. В рамках геномики рассматриваются

- А) определение нуклеотидной последовательности ДНК
- Б) все гены и их взаимодействие друг с другом
- В) рекомбинационный механизм переключения активности генов
- Г) размеры двуспиральных ДНК
- Д) комплиментарное копирование матрицы

9. Протеомика - область молекулярной биологии, посвящённая

- А) идентификации и количественному анализу белков
- Б) идентификации и количественному анализу жиров
- В) идентификации и количественному анализу нуклеиновых кислот
- Г) идентификации и количественному анализу фосфолипидов
- Д) идентификации и количественному анализу сахаров

10. Экспрессия генов — процесс, в ходе которого наследственная информация заложенная в гене, преобразуется в функциональный продукт

- А) продуктов экспрессии – ДНК или белок
- Б) продуктов экспрессии – РНК или белок
- В) продуктов экспрессии – РНК или фосфолипид
- Г) продуктов экспрессии – ДНК или фосфолипид
- Д) продуктов экспрессии – РНК или ДНК

5.3. Темы письменных работ (эссе, рефераты, курсовые работы и др.)

Не предусмотрено

5.4. Оценочные средства для промежуточной аттестации

Контрольные тесты и задания

Название вопроса: 1 (ПК-3)

Формулировка вопроса: База данных - это

Варианты ответов: 1. бесконечный объем данных, постоянно управляющийся с помощью СУБД ; 2. упорядоченный набор структурированной информации или данных, которые хранятся в электронном виде в компьютерной системе; 3. сложная программа, направленная учет входящей информации; 4. бесконечный набор аналоговых сигналов, которые обычно хранятся в памяти компьютера .

Ключ: 2

Название вопроса: 2 (ПК-3)

Формулировка вопроса: Установите соответствие ключевых элементов NCBI:

Ключ:

поиск научной литературы - PubMed

БД генетических последовательностей - GenBank

БД референсных последовательностей - RefSeq

Название вопроса: 3 (ПК-3)

Формулировка вопроса: Метод парсимонии анализирует все возможные топологии деревьев и предполагает, что эволюционный путь признака должен быть таким, чтобы потребовалось наибольшее количество преобразований.

Ключ: неверно.

Название вопроса: 4 (ПК-3)

Формулировка вопроса: Процесс сопоставления сравниваемых последовательностей для такого их взаиморасположения, при котором наблюдается максимальное количество совпадений аминокислотных остатков или нуклеотидов, называется:

Ключ: выравнивание

Задания в форме устного опроса

1. Основные понятия и определения биоинформатики.
2. Основные аппаратные средства реализации информационных технологий, используемых в биоинформатике.
3. Основные программные средства реализации информационных технологий, используемых в биоинформатике.
4. Основные принципы работы биоинформационных технологий.
5. Этапы исторического развития биоинформатики.
6. Примеры применения современных биотехнологий.
7. Пути развития современной биоинформатики.
8. Новейшие достижения в области биоинформатики.
9. Перспективы практического использования новейших достижений в области биоинформатики.
10. Перспективы теоретического использования новейших достижений в области биоинформатики.
11. Бионическая методология и информационные технологии.
12. Методы эффективного поиска и обработки биомедицинской информации.
13. Методы анализа биологической информации.
14. Биомедицинские базы данных в биоинформатике.
15. Приложения, обслуживающие биомедицинские базы данных.
16. Системы поддержки принятия решений врача в биоинформатике.
17. Типы и способы представления биомедицинских данных.
18. Представление биомедицинской информации методами интеграции гетерогенных данных.
19. Базовые алгоритмы решения задач биоинформатики.
20. Основные программно-информационные ресурсы биоинформатики.

6. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

6.1. Рекомендуемая литература

6.1.1. Основная литература

	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год	Эл. адрес
Л1.1	Жимулёв И.Ф., Беляев Е. С., Акифьев А. П.	Общая и молекулярная генетика: учебное пособие для вузов	Новосибирск: Сибирское университетское издательство, 2017	http://www.iprbookshop.ru/65279.html

6.1.2. Дополнительная литература

	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год	Эл. адрес
Л2.1	Коничев А.С., Севастьянова Г.А.	Молекулярная биология: учебное пособие	Москва: Академия, 2008	
Л2.2	Ляшевская Н.В., Устюжанина Е.Н., Байдалина О.В.	Биохимия и молекулярная биология: учебно- методическое пособие для специальности "Биология"	Горно-Алтайск: РИО ГАГУ, 2009	

6.3.1 Перечень программного обеспечения

6.3.1.1	Moodle
6.3.1.2	Firefox
6.3.1.3	Google Chrome

6.3.2 Перечень информационных справочных систем

6.3.2.1	Межвузовская электронная библиотека
6.3.2.2	База данных «Электронная библиотека Горно-Алтайского государственного университета»
6.3.2.3	Электронно-библиотечная система IPRbooks

7. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

	презентация
--	-------------

8. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)		
Номер аудитории	Назначение	Основное оснащение
128 А1	Кабинет экологии. Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, курсового проектирования (выполнения курсовых работ), групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации	Рабочее место преподавателя. Посадочные места для обучающихся (по количеству обучающихся). Проектор, экран, ноутбук, ученическая доска, кафедра, экран, телевизоры, видеопроектор, DVD-плеер, витрины с животными, шкуры (волк, барс, енотовая собака), коллекция птиц, чучела медведей, чучела и тушки птиц и млекопитающих, биогеографические карты, справочники, коллекция видеофильмов, карты, калькуляторы, микропрепараты, микроскопы, скелеты рыб, земноводных, рептилий, влажные препараты, лотки для препарирования, скальпели, пинцеты, бинокулярные лупы, ручные лупы, витрины с чучелами птиц и млекопитающих, коллекция черепов млекопитающих, коллекция рогов копытных, коллекция чучел голов копытных
219 А1	Компьютерный класс. Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, курсового проектирования (выполнения курсовых работ), групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Помещение	Рабочее место преподавателя. Посадочные места для обучающихся (по количеству обучающихся). Компьютеры с доступом в Интернет

9. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)
Методические указания к лекционным, практическим и лабораторным занятиям, а также к самостоятельной работе дисциплины «Компьютерный анализ молекулярно-биологических данных» составлены для основного уровня образовательной программы: бакалавриат по направлению 06.03.01 Биология. Самостоятельная работа студентов является важнейшей составной частью процесса обучения. Целью самостоятельной работы студентов является закрепление тех знаний, которые они получили на аудиторных занятиях, а также способствовать развитию у студентов творческих навыков, инициативы, умению организовать свое время Цели и задачи методических указаний заключаются в разъяснении студентам основного плана занятий, в ходе которых они должны овладеть первоначальными профессиональными умениями и навыками обработки статистических данных биологического характера, и направлены на формирование обозначенных в рабочей программе компетенций. 2. План самостоятельной работы Тема, вопросы для повторения ранее изученных дисциплин и самостоятельного изучения Содержание работы Количество часов Форма отчетности Срок контроля 1. 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. Подготовка к практическому занятию. Подготовка к зачету 10 Зачет Конец 3го семестра 2. 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.. Подготовка к практическому занятию Подготовка к зачету 15 Зачет Конец 3го семестра 3. Структура записи PDB. Анализ структурных особенностей. Предсказание вторичной структуры. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Моделирование гомологов. Подготовка к практическому занятию Подготовка к зачету 10 Зачет Конец 3го семестра 4. Эволюция молекул и организмов (горизонтальный перенос, ортологи, паралоги, деревья генов). Филогенетическое дерево. Модели эволюции. Эволюция на уровне генома. Анализ популяционных данных. Подготовка к практическому занятию Подготовка к зачету 5,5 Зачет Конец 3го семестра 3. Методические указания по выполнению самостоятельной работы

Рекомендуется:

1. Ознакомиться с содержанием курса по рабочей программе дисциплины.

2. Выписать (скачать) из соответствующей рабочей программы:

- список рекомендованной литературы;
- наименования лекционных разделов курса;
- темы практических работ;
- теоретические вопросы к зачету.

Студентам рекомендуется в соответствии с расписанием лекций и практических занятий по данной дисциплине запланировать дни недели и часы для самостоятельной работы, которая будет включать подготовку к лекциям, практическим занятиям, подготовку к зачету.

Для самостоятельной работы следует использовать основную и дополнительную литературу, а также периодические научные издания (журналы) и интернет источники.

Основная литература

1. Жимулёв И.Ф., Беляев Е. С., Акифьев А. П. Общая и молекулярная генетика учебное пособие для вузов. Новосибирск: Сибирское университетское издательство, 2017, 480 с.

Дополнительная литература

1. Коничев А.С., Севастьянова Г.А. Молекулярная биология учебное пособие. Москва: Академия 2008. 400 с.

2. Ляшевская Н.В., Устюжанина Е.Н., Байдалина О.В. Биохимия и молекулярная биология учебно-методическое пособие для специальности "Биология" . Горно-Алтайск: РИО ГАГУ, 2009, 110 с.

Методические рекомендации

Изучение дисциплины «Компьютерный анализ молекулярно-биологических данных» завершается сдачей зачета в 3 семестре. Зачет является формой итогового контроля знаний и умений, полученных на лекциях, семинарских, практических занятиях и в процессе самостоятельной работы.

В период подготовки к зачету и экзамену студенты вновь обращаются к пройденному учебному материалу. При этом они не только скрепляют полученные знания, но и получают новые. Подготовка студента к зачету включает в себя три этапа:

- аудиторная и внеаудиторная самостоятельная работа в течение семестра;
- непосредственная подготовка в дни, предшествующие зачету по темам курса;
- подготовка к ответу на вопросы зачета.

Литература для подготовки к зачету рекомендуется преподавателем и указана в рабочей программе учебно-методическом комплексе дисциплины .

Основным источником подготовки является конспект лекций, где учебный материал дается в систематизированном виде, основные положения его детализируются, подкрепляются современными фактами и информацией, которые в силу новизны не вошли в опубликованные печатные источники. В ходе подготовки к зачету и экзамену студентам необходимо обращать внимание не только на уровень запоминания, но и на степень понимания излагаемых проблем.

Зачет проводится по вопросам, охватывающим весь пройденный материал или по результатам тестирования. По окончании ответа преподаватель может задать студенту дополнительные и уточняющие вопросы.