

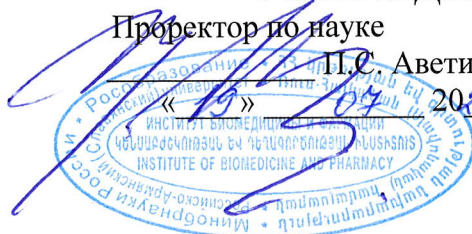
МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РФ
МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ, НАУКИ, КУЛЬТУРЫ И СПОРТА РА
ГОУ ВПО РОССИЙСКО-АРМЯНСКИЙ
УНИВЕРСИТЕТ

Составлена в соответствии с федеральными
Государственными требованиями к структуре
основной профессиональной образовательной
программы послевузовского профессионального
образования (аспирантура)

УТВЕРЖДАЮ:

Проректор по науке

П.С. Аветисян
«19» 07 2023 г.



Институт: биомедицины и фармации
Кафедра: биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии

Учебная программа подготовки аспиранта и соискателя
ДИСЦИПЛИНА: 2.1.1. Биоинформатика

1.5.8. (Ф.00.02)
-Шифр

Математическая биология, биоинформатика
наименование научной специальности

Программа одобрена на заседании
кафедры

протокол № 10 от 14 июля 2023 г.

Утверждена Ученым Советом ИБМФ

протокол № 12 от 18 июля 2023 г.

Заведующий кафедрой

Подпись

Захарян Р.В., к.б.н.

И.О.Ф, ученая степень, звание

Разработчик программы

Подпись

Аракелян А.А., д.б.н., и.о.профессора

И.О.Ф, ученая степень, звание

Ереван 2023

Общие положения

Настоящая рабочая программа обязательной дисциплины (модуля) «**Биоинформатика**» образовательной программы послевузовского профессионального образования (ООП ППО) ориентирована на аспирантов университета, уже прослушавших общие и специальные курсы по биоинформатике, вычислительной, молекулярной и клеточной биологии, молекулярной генетике, биомедицины, фармакологии, математики и информатике.

1. Цели изучения дисциплины (модуля)

Целью изучения дисциплины «**Биоинформатика**» является углубленная подготовка специалиста в теории и практическом использовании биоинформатики и математической биологии.

Задачами дисциплины являются обучить специалиста основам математических методов и алгоритмов, применяемых в современной биоинженерии, молекулярной биологии и молекулярной медицине;

2. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины (модуля)

Аспирант должен

-Знать:

знать основные задачи молекулярной биологии и биоинженерии, решаемые методами биоинформатики, достижения биоинформатики, ее роль в современной биологии;

знать долговременные массовые проекты в области молекулярной биологии, основанные на накоплении больших массивов экспериментальных данных, цели этих проектов, их перспективы (проект - геном человека; проект - 1000 геномов; проект ENCODE; проект Human Proteome Atlas; проект - и др.);

знать основные электронные базы данных в области молекулярной биологии, свободно владеть средствами доступа к ним через интернет;

знать основные математические принципы, алгоритмы, структуры данных, на которых основаны существующие компьютерные программы биоинформатики (теория графов, индексные таблицы, динамическое программирование, статистические подходы и др.);

- Уметь:

уметь самостоятельно сформулировать биологическую задачу в терминах математики и/или

информатики; уметь сотрудничать с математиком и программистом при разработке сложных компьютерных средств для решения биологических задач;

уметь оценивать статистическую значимость получаемых результатов;

уметь разработать и создать скрипты и программы для анализа и интерпретации различных типов биологических данных.

- Владеть:

стандартными компьютерными программами биоинформатики для анализа генома, эпигенома, транскриптома и протеома;

способами доступа к биологическим базам данных.

3. Объем дисциплины (модуля) и количество учебных часов

Вид учебной работы	Кол-во зачетных единиц*/уч.часов
Аудиторные занятия	
Лекции (минимальный объем теоретических знаний)	8
Семинар	18
Практические занятия	
Другие виды учебной работы (авторский курс, учитывающий результаты исследований научных школ Университета, в т.ч. региональных)	
Формы текущего контроля успеваемости аспирантов	Реферат
Внеаудиторные занятия:	
Самостоятельная работа аспиранта	10
ИТОГО	36
Вид и готового контроля	Составляющая экзамена кандидатского минимума зачет

4. Содержание дисциплины (модуля)

4.1 Содержание лекционных занятий

№ п/п	Содержание	Кол-во уч. часов
1	Типы биологических данных, базы данных и репозитории	1
2	Задачи и методы секвенирования следующего поколения	1
3	Анализ генома, выравнивание, de novo сборка, понятие пангенома	2
4	Анализ транскриптома, приложения в медицинской биологии	2
5	Анализ эпигенома	2
6	Методы машинного обучения в биологии	2
Всего:		10

4.2 Практические занятия

Практические занятия не предусмотрены учебным планом

4.3 Другие виды учебной работы

Другие виды учебной работы не предусмотрены учебным планом.

4.4 Самостоятельная работа аспиранта

№ п/п	Виды самостоятельной работы	Кол-во уч. часов
1	Подбор и изучение литературных источников	2
2	Изучение программных пакетов для анализа генома	2
3	Изучение программных пакетов для анализа транскриптома	2
4	Изучение программных пакетов для анализа транскриптома	2
5	Подготовка к семинарам	2
6	Подготовка курсовой работы	2
Всего:		10

5 Перечень контрольных мероприятий и вопросы к экзаменам кандидатского минимума

*Предмет биоинформатики и математической биологии, их место в естествознании
Взаимосвязь физических, физико-химических, биологических и информационных процессов в живых организмах Основные структуры данных, реляционные базы данных Биологические базы данных. Первичные, курируемые и производные базы данных. Пространственная структура биополимеров. Предсказание вторичной структуры белков. Предсказание третичной структуры белков по гомологии. Предсказание параметров спирали ДНК. Предсказание вторичной структуры РНК. Представление вторичной структуры РНК.*

Выравнивание. Алгоритмы динамического программирования. Статистическая значимость выравнивания. Методы быстрого поиска сходства BLAST и FASTA. Множественное выравнивание. Филогения. Методы кластеризации. Проблема переменной скорости эволюции. Вторичные структуры РНК. Методы предсказания оптимальных структур. Анализ и предсказание структуры белков. Стабильность и сворачивание белков. Вычислительные методы оценки качества пространственной модели белка. Моделирование пространственной структуры биологических макромолекул и их взаимодействия с лигандами. Анализ взаимосвязей "структура-активность" и "структура-свойство" фармакологических веществ. Виртуальный скрининг, и докинг лигандов. Геномы, размер геномов бактерий и эукариот. Метагеномы. Контиги. Расшифровка геномов и сборка контигов. Структура геномов прокариот. Геном человека и млекопитающих. Особенности бактериальных геномов. Особенности геномов млекопитающих. Полиморфизмы человека. Аннотация геномов. Предсказание генов. Функциональная аннотация. Использование сходства. Гомологи, ортологи и паралоги. Методы определения ортологичности. Сравнительный анализ геномов. Метаболическая реконструкция. Транскриптом. Методы определения транскриптомов. Методы анализа транскриптома. Анализ сплайсинга. Приложения к исследованию заболеваний и диагностики. Эпигеномика. Структура эпигенома. Протеом. Методы определения протеома. Пост-трансляционные модификации белков. Определение посттрансляционных модификаций. Участие модификаций белков в регуляторных каскадах. Методы определения эпигенома. Роль эпигенома в регуляции экспрессии генов. Системная биология. Построение и анализ регуляторных сетей. Роль системной биологии в поиске мишеней для лекарственных средств.

6 Образовательные технологии

В процессе обучения применяются следующие образовательные технологии:

1. Сопровождение лекций показом визуального материала.
2. Проведение лекций с использованием интерактивных методов обучения.

7 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Учебно-методические и библиотечно-информационные ресурсы обеспечивают учебный процесс и гарантируют качественное освоение аспирантом образовательной программы.

7.1. Основная литература

1. Edited by Horacio Perez-Sanchez, ISBN 978-953-51-0878-8, 336 pages, Publisher: InTech, Chapters published November 28, 2012 under CC BY 3.0 license DOI: 10.5772/3089
2. Computational Biology and Applied Bioinformatics Edited by Heitor Silverio Lopes and Leonardo Magalhaes Cruz, ISBN 978-953-307-629-4, 456 pages, Publisher: InTech, Chapters published September 02, 2011 under CC BY-NC-SA 3.0 license DOI: 10.5772/772
3. Systems and Computational Biology - Bioinformatics and Computational Modeling Edited by Ning-Sun Yang, ISBN 978-953-307-875-5, 346 pages, Publisher: InTech, Chapters published September 12, 2011 under CC BY-NC-SA 3.0 license DOI: 10.5772/1866
4. Next Generation Sequencing - Advances, Applications and Challenges Edited by Jerzy K Kulski, ISBN 978-953-51-2240-1, 462 pages, Publisher: InTech, Chapters published January 14, 2016 under CC BY 3.0 license DOI: 10.5772/60489
5. Bioinformatics - Trends and Methodologies Edited by Mahmood A. Mahdavi, ISBN 978-953-307-282-1, 736 pages, Publisher: InTech, Chapters published November 02, 2011 under CC BY 3.0 license DOI: 10.5772/786

7.2. Дополнительная литература

1. Systems and Computational Biology - Bioinformatics and Computational Modeling Edited by Ning-Sun Yang, ISBN 978-953-307-875-5, 346 pages, Publisher: InTech, Chapters published September 12, 2011 under CC BY-NC-SA 3.0 license DOI: 10.5772/1866
2. Bioinformatics - Updated Features and Applications Edited by Ibrokhim Y. bdurakhmonov, ISBN 978-953-51-2547-1, Print ISBN 978-953-51-2546-4, 266 pages, Publisher: InTech, Chapters published July 27, 2016 under CC BY 3.0 license DOI: 10.5772/61421

7.3. Интернет-ресурсы

1. <https://www.intechopen.com>
2. <http://cdx.com/> - Data Analysis for Life Sciences
3. <https://stepik.org/catalog?language=ru>

8 Материально-техническое обеспечение

Компьютерный класс с выходом в интернет с каждого компьютера. Методические рекомендации по организации изучения дисциплины.