

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

СОГЛАСОВАНО

Заведующий кафедрой

**Кафедра геномики и
биоинформатики**

наименование кафедры

подпись, инициалы, фамилия

«___» _____ 20__ г.

институт, реализующий ОП ВО

УТВЕРЖДАЮ

Заведующий кафедрой

**Кафедра геномики и
биоинформатики**

наименование кафедры

д.б.н. Ямских И.Е.

подпись, инициалы, фамилия

«___» _____ 20__ г.

институт, реализующий дисциплину

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
ОСНОВЫ БИОИНФОРМАТИКИ**

Дисциплина Б1.В.04 Основы биоинформатики

Направление подготовки /
специальность 06.04.01 Биология Магистерская программа
06.04.01.06 Геномика и биоинформатика

Направленность
(профиль)

Форма обучения

очная

Год набора

2020

Красноярск 2021

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

составлена в соответствии с Федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования по укрупненной группе

060000 «БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ»

Направление подготовки /специальность (профиль/специализация)

направление 06.04.01 Биология Магистерская программа 06.04.01.06

Геномика и биоинформатика

Программу
составили

д.ф-м.н., Профессор, Садовский Михаил
Георгиевич

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Целью преподавания дисциплины является формирование у магистров базовых знаний об этапах геномного проекта в части обработки данных секвенирования, способностей к решению вопросов геномики и биоинформатики как в области науки, так и в области медицины, сельского хозяйства, лесного хозяйства, животноводства.

1.2 Задачи изучения дисциплины

В задачи курса входит:

- знакомство с методами оценки качества результатов секвенирования,
- знакомство с алгоритмами попарного и множественного выравнивания нуклеотидных последовательностей,
- знакомство с статистическими методами обработки транскриптомных данных
- изучение основных баз данных и форматов хранения данных в биоинформатике.

1.3 Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

ОПК-4: способностью самостоятельно анализировать имеющуюся информацию, выявлять фундаментальные проблемы, ставить задачу и выполнять полевые, лабораторные биологические исследования при решении конкретных задач с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работ и научную достоверность результатов

ОПК-7: готовностью творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач
--

ПК-1: способностью творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры
--

ПК-3: способностью применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований, использовать современную аппаратуру и вычислительные комплексы (в соответствии с направленностью (профилем) программы магистратуры)
--

1.4 Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной

программы

Дисциплина «Основы биоинформатики» является обязательной и входит в вариативную часть ФГОС ВО направления 06.04.01 Биология, профиля 06.04.01.06 Геномика и биоинформатика. «Основы биоинформатики» наряду с курсом «Геномика», читаемым в этом же семестре, является базовой дисциплиной для подготовки магистров в области современной геномики и биоинформатики. Освоение данной дисциплины предполагает привлечение знаний, полученных при изучении дисциплин бакалавриата – молекулярной биологии, генетики, информатики, программирования, информационно-коммуникационных технологий в естествознании, что обуславливает интеграцию полученных студентами знаний и выработку основ системного мышления. Результаты изучения дисциплины «Основы биоинформатики» используются при изучении дисциплин вариативной части, дисциплин по выбору, при выполнении НИР и при подготовке магистерской диссертации. Курс носит междисциплинарный характер и состоит из лекционного материала и семинарских занятий. Реализуется во 2 семестре.

Научно-исследовательский семинар
Избранные главы молекулярной генетики
Избранные главы биологии
Современные компьютерные технологии в биологии

Геномика
Научно-исследовательская работа
Популяционная генетика
Практика по профилю профессиональной деятельности
Генетика человека
Иммуногенетика
Молекулярная экология
Протеомика
Современные методы анализа многомерных данных в биологии
Статистика в биоинформатике
Филогенетика
Языки программирования для биоинформатиков
Практика по направлению профессиональной деятельности
Преддипломная практика
Научно - исследовательская работа
Практика по получению первичных профессиональных умений и навыков
Практическая биоинформатика
Научно - исследовательская работа

Практика по получению профессиональных умений и опыта профессиональной деятельности

1.5 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется без применения ЭО и ДОТ.

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	Семестр
		2
Общая трудоемкость дисциплины	4 (144)	4 (144)
Контактная работа с преподавателем:	0,83 (30)	0,83 (30)
занятия лекционного типа	0,28 (10)	0,28 (10)
занятия семинарского типа		
в том числе: семинары		
практические занятия	0,56 (20)	0,56 (20)
практикумы		
лабораторные работы		
другие виды контактной работы		
в том числе: групповые консультации		
индивидуальные консультации		
иная внеаудиторная контактная работа:		
групповые занятия		
индивидуальные занятия		
Самостоятельная работа обучающихся:	2,17 (78)	2,17 (78)
изучение теоретического курса (ТО)		
расчетно-графические задания, задачи (РГЗ)		
реферат, эссе (Р)		
курсовое проектирование (КП)	Нет	Нет
курсовая работа (КР)	Нет	Нет
Промежуточная аттестация (Экзамен)	1 (36)	1 (36)

3 Содержание дисциплины (модуля)

3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

№ п/п	Модули, темы (разделы) дисциплины	Занятия лекционного типа (акад. час)	Занятия семинарского типа		Самостоятельная работа, (акад. час)	Формируемые компетенции
			Семинары и/или Практические занятия (акад. час)	Лабораторные работы и/или Практикумы (акад. час)		
1	2	3	4	5	6	7
1		10	0	0	0	
2		0	20	0	0	
3		0	0	0	78	
Всего		10	20	0	78	

3.2 Занятия лекционного типа

№ п/п	№ раздела дисциплины	Наименование занятий	Объем в акад. часах		
			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме
1	1	Методы секвенирования. Сравнительный анализ методов секвенирования и областей их применения. Секвенирование по Сэнгеру. Оценка качества секвенирования.	2	0	0
2	1	Введение в работу с сервером. Базы данных. Геномные браузеры. Форматы данных.	2	0	0

3	1	Алгоритмы выравнивания последовательностей и сжатия данных. Преобразование Барроуза - Уилера и Алгоритм Смита - Ватермана.	2	0	0
4	1	Статистические методы в биоинформатике. Методы анализа дифференциальной экспрессии генов.	2	0	0
5	1	Предсказание структуры белка. Введение в структуру белка. Структурные свойства белков. Базы данных для классификации структуры: SCOP & CATH. Фолдинг белка: теория и эксперимент. Прогнозирование вторичной структуры, прогнозирование структуры ab initio, распознавание фолдинга (threading), сравнительное моделирование (основанное на гомологии).	2	0	0
Итого			10	0	0

3.3 Занятия семинарского типа

№ п/п	№ раздела дисциплины	Наименование занятий	Объем в акад. часах		
			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме
1	2	Методы секвенирования. Оценка качества результатов секвенирования по Сэнгеру. Редактирование хроматограмм.	2	0	0

2	2	Введение в работу с сервером. Базы данных. Геномные браузеры. Форматы данных. Преобразование форматов файлов. SNP calling.	6	0	0
3	2	Алгоритмы выравнивания. Парное и множественное выравнивание. Оценка качества и редактирование выравниваний.	4	0	0
4	2	Статистические методы в биоинформатике. P-value, z-score, resampling. Дифференциальная экспрессия генов.	6	0	0
5	2	Предсказание структуры белка. Базы данных для классификации структуры белков. Прогнозирование структуры ab initio, распознавание фолдинга (threading), сравнительное моделирование (основанное на гомологии). Практикум по работе на веб-сервере SWISS-MODEL и с другим ПО.	2	0	0
Всего			20	0	0

3.4 Лабораторные занятия

№ п/п	№ раздела дисциплины	Наименование занятий	Объем в акад. часах		
			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме
Всего					

4 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю)

	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
--	---------------------	----------	-------------------

Л1.1	Каменская М. А.	Информационная биология: учебное пособие для вузов по направлению подготовки бакалавров и магистров 020200 "Биология" и биологическим специальностям	Москва: Academia (Академия), 2006
Л1.2	Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К.	Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2009
Л1.3	Титова Н. М., Савченко А. А., Замай Т. Н., Боровкова Г. И., Субботина Т. Н., Инжеваткин Е. В.	Биохимия и молекулярная биология: учебно-методический комплекс дисциплины	Красноярск: ИПК СФУ, 2008
Л1.4	Титова Н. М., Савченко А. А., Замай Т. Н., Боровкова Г. И., Субботина Т. Н., Инжеваткин Е. В.	Биохимия и молекулярная биология: электронный учебно-методический комплекс по дисциплине (№ 175-2007)	Красноярск: СФУ, 2008
Л1.5	Субботина Т. Н.	Молекулярная биология: учеб.-метод. пособие для самостоят. работы [для студентов спец. 020208.65 «Биохимия»]	Красноярск: СФУ, 2012

5 Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

6 Перечень основной и дополнительной учебной литературы, необходимой для освоения дисциплины (модуля)

6.1. Основная литература			
	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
Л1.1	Попов В. В.	Геномика с молекулярно-генетическими основами	Москва: URSS, 2014
Л1.2	Кребс Д., Голдштейн Э., Килпатрик С.	Гены по Льюину: научное издание	Москва: Издательство "Лаборатория знаний", 2017
6.2. Дополнительная литература			
	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год

Л2.1	Сетубал Ж., Мейданис Ж., Миронов А. А.	Введение в вычислительную молекулярную биологию: перевод с английского	Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2007
Л2.2	Игнасимуту С.	Основы биоинформатики: перевод с английского	МоскваМосква: [R&C Dynamics] Регулярная и хаотическая динамика [РХД], 2007
Л2.3	Глик Б., Пастернак Д., Янковский Н. К.	Молекулярная биотехнология: принципы и применение: перевод с английского	Москва: Мир, 2002
Л2.4	Козлов Н. Н.	Математический анализ генетического кода: монография	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2010
Л2.5	Хаубольд Б., Вие Т., Чудов С. В., Артамонова И. И.	Введение в вычислительную биологию. Эволюционный подход	Москва: Регулярная и хаотическая динамика, 2011
6.3. Методические разработки			
	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
Л3.1	Каменская М. А.	Информационная биология: учебное пособие для вузов по направлению подготовки бакалавров и магистров 020200 "Биология" и биологическим специальностям	Москва: Academia (Академия), 2006
Л3.2	Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К.	Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2009
Л3.3	Титова Н. М., Савченко А. А., Замай Т. Н., Боровкова Г. И., Субботина Т. Н., Инжеваткин Е. В.	Биохимия и молекулярная биология: учебно-методический комплекс дисциплины	Красноярск: ИПК СФУ, 2008
Л3.4	Титова Н. М., Савченко А. А., Замай Т. Н., Боровкова Г. И., Субботина Т. Н., Инжеваткин Е. В.	Биохимия и молекулярная биология: электронный учебно-методический комплекс по дисциплине (№ 175-2007)	Красноярск: СФУ, 2008

ЛЗ.5	Субботина Т. Н.	Молекулярная биология: учеб.-метод. пособие для самостоят. работы [для студентов спец. 020208.65 «Биохимия»]	Красноярск: СФУ, 2012
------	-----------------	--	-----------------------

7 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины (модуля)

Э1	Антиплагиат. ВУЗ [Электронный ресурс]	http://sfukras.antiplagiat.ru http://bik.sfu-kras.ru/nb/antiplagiat-vuz
Э2	POLPRED.COM Обзор СМИ [Электронный ресурс]	http://www.polpred.com
Э3	ИАС «Статистика» [Электронный ресурс]	http://www.ias-stat.ru и http://bik.sfu-kras.ru/nb/ias-statistika
Э4	Государственный архив Красноярского края (ГАКК) [Электронный ресурс]	http://красноярские-архивы.рф
Э5	Ист Вью (EastView) [Электронный ресурс]	http://www.ebiblioteka.ru
Э6	Научная электронная библиотека (eLIBRARY.RU) [Электронный ресурс]	http://elibrary.ru
Э7	Президентская библиотека им. Б.Н. Ельцина [Электронный ресурс]	http://www.prlib.ru .
Э8	Университетская информационная система РОССИЯ (УИС РОССИЯ) [Электронный ресурс]	http://uisrussia.msu.ru
Э9	Электронная библиотека диссертаций (ЭБД) РГБ: [Электронный ресурс]	http://dvs.rsl.ru
Э10	Электронная библиотека РГУ нефти и газа им. И.М. Губкина [Электронный ресурс]	http://bik.sfu-kras.ru/nb/elektronnaya-biblioteka-rgu-nefti-i-gaza-im-im-gubkina
Э11	Электронно-библиотечная база данных «Электронная библиотека технического ВУЗа» [Электронный ресурс]	http://www.studentlibrary.ru
Э12	Электронно-библиотечная система «ИНФРА-М». [Электронный ресурс]	http://www.znaniyum.com
Э13	Электронно-библиотечная система «Национальный цифровой ресурс «Рукопт» [Электронный ресурс]	http://bik.sfu-kras.ru/nb/elektronno-bibliotechnaya-sistema-nacionalnyy-cifrovoy-resurs-rukont
Э14	Электронно-библиотечная система «Лань» [Электронный ресурс]	http://e.lanbook.com
Э15	Электронно-библиотечная система «ibooks.ru» [Электронный ресурс]	http://bik.sfu-kras.ru/nb/ibooksru
Э16	American Physical Society [Электронный ресурс]	http://publish.aps.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/american-physical-society
Э17	Annual Reviews Science Collection [Электронный ресурс]	http://www.annualreviews.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/annual-reviews-science-collection
Э18	arXiv [Электронный ресурс]	http://arxiv.org .
Э19	Cambridge University Press	http://www.journals.cambridge.org http://www.cambridge.org

	[Электронный ресурс]	//bik.sfu-kras.ru/nb/cambridge-university-press
Э20	DOAJ [Электронный ресурс]	http://www.doaj.org DRF (JAIRO): http://drf.lib.hokudai.ac.jp
Э21	DRF (JAIRO) [Электронный ресурс]	http://drf.lib.hokudai.ac.jp
Э22	EBSCO Publishing [Электронный ресурс]	http://search.ebscohost.com
Э23	Elsevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]	http://sciencedirect.com
Э24	EMS Journal. [Электронный ресурс]	http://www.memsjournal.com
Э25	Euromonitor International [Электронный ресурс]	http://www.portal.euromonitor.com
Э26	Institute of Physics [Электронный ресурс]	http://www.iop.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/institute-physics-iop
Э27	Journal Citation Reports (JCR) [Электронный ресурс]	http://isiknowledge.com
Э28	MEMS Journal [Электронный ресурс]	http://www.memsjournal.com
Э29	Nature [Электронный ресурс]	http://www.nature.com
Э30	Oxford Journals [Электронный ресурс]	http://www.oxfordjournals.org
Э31	Oxford Russia Fund eContent library [Электронный ресурс]	http://lib.myilibrary.com http://bik.sfu-kras.ru/nb/oxford-russia-fund-econtent-library
Э32	ProQuest [Электронный ресурс]	http://search.proquest.com
Э33	Royal Society of Chemistry (журналы открытого доступа). [Электронный ресурс]	http://www.rsc.org
Э34	Science и Science Translational Medicine [Электронный ресурс]	http://www.sciencemag.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/science-i-science-translational-medicine
Э35	Science/AAAS [Электронный ресурс]	http://www.sciencemag.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/scienceaaas
Э36	Scirus [Электронный ресурс]	http://www.scirus.com
Э37	Scopus [Электронный ресурс]	http://www.scopus.com http://bik.sfu-kras.ru/nb/scopus
Э38	Sevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]	http://sciencedirect.com
Э39	Springer [Электронный ресурс]	http://www.springerlink.com
Э40	Taylor&Francis [Электронный ресурс]	http://www.tandfonline.com
Э41	Web of Science [Электронный ресурс]	http://isiknowledge.com
Э42	Wiley (Blackwell) [Электронный ресурс]	http://www.blackwell-synergy.com
Э43	Центр Исследования Генома (Genomics Resource Centre) [Электронный ресурс]	http://www.rockefeller.edu/genomics
Э44	Bioinformatics: Life Sciences on Your Computer [Электронный ресурс]	https://www.coursera.org/course/bioinform
Э45	Специализация из 7-ми электронных курсов «Bioinformatics» [Электронный ресурс]	https://www.coursera.org/specializations/bioinformatics

	ресурс]	
Э46	Bioinformatics Methods [Электронный ресурс]	https://www.coursera.org/specializations/bioinformatics
Э47	Лашин, С.А. Информационные технологии и языки программирования [Электронный ресурс]	http://kib.nsu.ru/?page_id=2837
Э48	Колчанов, Н.А. Введение в информационную биологию [Электронный ресурс] / Н.А.Колчанов, С.А. Лашин	http://kib.nsu.ru/?page_id=2837

8 Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

Самостоятельная работа студента по дисциплине «Основы биоинформатики» предусматривает изучение теоретического материала с использованием основной и дополнительной литературы – 2,2 з.е. (78 часов).

Самостоятельное изучение теоретического материала предполагает работу с учебной литературой, научными монографиями, оригинальными научными статьями, диссертациями. Итогом работы является презентация.

На самостоятельное изучение выносятся вопросы в соответствии с тематикой лекций. Организация самостоятельной работы производится в соответствии с графиком учебного процесса и самостоятельной работы.

Учебно-методическое обеспечение дисциплины размещено на сайте СФУ. Режим доступа: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=12485>

9 Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю) (при необходимости)

9.1 Перечень необходимого программного обеспечения

9.1.1	Современные биоинформатические исследования требуют умения решать поставленные задачи с использованием самого разнообразного программного обеспечения, от пользовательских скриптов, размещенных в репозиториях, до дорогостоящего проприетарного ПО, такого как CLC Genomics Workbench. Философия современного биоинформатического сообщества заключается в том, что любую задачу можно решить несколькими способами: с использованием бесплатно распространяемого ПО, при помощи онлайн-сервисов (пайплайнов) и проприетарного ПО, или самостоятельно создать новый программный продукт для решения конкретной пользовательской задачи. В рамках данного курса используется только свободно распространяемое ПО: BLAST, UGENE, MEGA, BioEdit, SeaView, PhyML, RaxML, MrBayes, PartitionFinder, jModelTest, IQTREE, FigTree, signalP, TargetP, TopPred2.
-------	---

9.2 Перечень необходимых информационных справочных систем

9.2.1	Биоинформатика – та область знаний, в которой ресурсы Интернет используются практически для решения любой задачи. Вся биоинформатика основана на создании баз данных, наполнении их результатами научных работ исследователями со всего мира, открытости доступа к этим данным и сравнении новых результатов с уже опубликованными.
9.2.2	В рамках освоения дисциплины используется одна из крупнейших информационных систем в области биологии медицины, биофизики Национального центра биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information (NCBI)), США (www.NCBI.nlm.nih.gov).
9.2.3	БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом.
9.2.4	Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.
9.2.5	БД Nucleotide (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.
9.2.6	БД Protein (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из GenBank, RefSeq и TPA, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
9.2.7	БД Structure (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.
9.2.8	БД Gene (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. Gene-ID.

9.2.9	БД dbMHC (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные MajorHistocompatibilityComplex (МНС) для человека. БД dbMHC полностью интегрирована с другими ресурсами NCBI, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (IHWG).
9.2.1 0	DbSNP (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным путем.
9.2.1 1	БД ReferenceSequence (RefSeq) (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.
9.2.1 2	БД Genomic Biology представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для Fruitfly, Human, Malariaparasite, Mouse, Rat, Retroviruses, Zebrafish и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.
9.2.1 3	В БД UniGene (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.
9.2.1 4	HomoloGene (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.
9.2.1 5	Basic Local Alignment Search Tool (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.
9.2.1 6	Public repository Gene Expression Omnibus (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»
9.2.1 7	GenBank (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. GenBank автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.
9.2.1 8	Для представления последовательностей в GenBank предложено два инструмента:
9.2.1 9	● BankIt – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
9.2.2 0	● Sequin – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.

9.2.2 1	Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в NCBI является поисковая система Search NCBI databases (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery). Она обеспечивает одновременный доступ как к нуклеотидным и белковым последовательностям (GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/) либо посредством использования стартовой страницы NCBI (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.
9.2.2 2	Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в NCBI (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html) и т. д., является сервис «My NCBI» (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/My_NCBI/). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты по электронной почте. Пользователи «My NCBI» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в NCBI, и управлять политикой общественного доступа.

10 Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Аудиторный класс, наличие проектора для демонстрации наглядных пособий и экрана. Компьютерный класс, Internet, свободно распространяемое ПО: BLAST, UGENE, MEGA, BioEdit, SeaView, PhyML, RaxML, MrBayes, PartitionFinder, jModelTest, IQTREE, FigTree, signalP, TargetP, TopPred2.