

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное учреждение
высшего профессионального образования
"Казанский (Приволжский) федеральный университет"
Химический институт им. А.М. Бутлерова



УТВЕРЖДАЮ

Проректор
по образовательной деятельности КФУ
Проф. Минзарипов Р.Г.

_____ 20__ г.

Программа дисциплины
Биоинформатика М2.ДВ.3

Направление подготовки: 020100.68 - Химия

Профиль подготовки: Хемоинформатика и молекулярное моделирование

Квалификация выпускника: магистр

Форма обучения: очное

Язык обучения: русский

Автор(ы):

Акберова Н.И.

Рецензент(ы):

Антипин И.С.

СОГЛАСОВАНО:

Заведующий(ая) кафедрой: Алимова Ф. К.

Протокол заседания кафедры No ____ от " ____ " _____ 201__ г

Учебно-методическая комиссия Химического института им. А.М. Бутлерова:

Протокол заседания УМК No ____ от " ____ " _____ 201__ г

Регистрационный No

Казань
2013

Содержание

1. Цели освоения дисциплины
2. Место дисциплины в структуре основной образовательной программы
3. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины /модуля
4. Структура и содержание дисциплины/ модуля
5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения
6. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины и учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов
7. Литература
8. Интернет-ресурсы
9. Материально-техническое обеспечение дисциплины/модуля согласно утвержденному учебному плану

Программу дисциплины разработал(а)(и) доцент, к.н. (доцент) Акберова Н.И. кафедра биохимии ИФМиБ отделение фундаментальной медицины , Natasha.Akberova@kpfu.ru

1. Цели освоения дисциплины

Целью преподавания дисциплины "Биоинформатика" является формирование у студентов теоретических знаний в области анализа данных, получаемых в биологических экспериментах, а также практических навыков решения биоинформационных задач, актуальных на сегодняшний день.

2. Место дисциплины в структуре основной образовательной программы высшего профессионального образования

Данная учебная дисциплина включена в раздел " М2.ДВ.3 Профессиональный" основной образовательной программы 020100.68 Химия и относится к дисциплинам по выбору. Осваивается на 2 курсе, 3 семестр.

Дисциплина "Биоинформатика" относится к вариативной части профессионального цикла М2.ДВ3 и является дисциплиной по выбору. Курс заканчивается зачетом.

Дисциплина "Биоинформатика" изучается на втором году обучения в магистратуре. Данная дисциплина является логическим продолжением ряда курсов, изученных студентами по программе магистратуры направления "Хемоинформатика", включая "Основы компьютерного программирования в приложении к химическим задачам", "Компьютеры, операционные системы и сети", "Управление базами данных" .Биоинформатика рассматривается как комплекс подходов к анализу данных получаемых в биологических экспериментах. В рамках курса обсуждаются большинство актуальных биоинформационных задач.

По окончании курса обучающиеся обладают информацией о передовом крае науки в области биоинформатики, знакомятся с основными инструментами и подходами, используемыми в этой области, обладают представлениями о проблематике предмета и могут приступать к самостоятельным изысканиям.

3. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины /модуля

В результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции:

Шифр компетенции	Расшифровка приобретаемой компетенции
ОК-2 (общекультурные компетенции)	умение принимать нестандартные решения
ОК-3 (общекультурные компетенции)	владение иностранным (прежде всего английским) языком в области профессиональной деятельности и межличностного общения
ОК-5 (общекультурные компетенции)	владение современными компьютерными технологиями, применяемыми при обработке результатов научных экспериментов и сборе, обработке, хранении и передачи информации при проведении самостоятельных научных исследований
ПК-1 (профессиональные компетенции)	наличие представлений о наиболее актуальных направлениях исследований в современной теоретической и экспериментальной химии
ПК-10 (профессиональные компетенции)	способность определять и анализировать проблемы, планировать стратегию их решения

В результате освоения дисциплины студент:

1. должен знать:

проблемы и возможности аннотация геномов, работы с данными по транскриптомике, протеомике, сравнительной геномике, метаболомике, построения и анализа метаболических сетей

2. должен уметь:

использовать современные биоинформационные методы и подходы изучения структуры и функций генома

3. должен владеть:

теоретическими знаниями о структуре и представлении мировых знаний в области биологии (публичные базы данных, базы данных публикаций, поисковый инструментарий

применить навыки использования стандартных биоинформационных пакетов программ анализа нуклеотидных, полипептидных и структурных данных для решения собственных исследовательских задач

4. Структура и содержание дисциплины/ модуля

Общая трудоемкость дисциплины составляет зачетных(ые) единиц(ы) 72 часа(ов).

Форма промежуточного контроля дисциплины зачет в 3 семестре.

Суммарно по дисциплине можно получить 100 баллов, из них текущая работа оценивается в 50 баллов, итоговая форма контроля - в 50 баллов. Минимальное количество для допуска к зачету 28 баллов.

86 баллов и более - "отлично" (отл.);

71-85 баллов - "хорошо" (хор.);

55-70 баллов - "удовлетворительно" (удов.);

54 балла и менее - "неудовлетворительно" (неуд.).

4.1 Структура и содержание аудиторной работы по дисциплине/ модулю

Тематический план дисциплины/модуля

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
1.	Тема 1. Введение в биоинформатику	3	1	2	0	0	устный опрос
2.	Тема 2. Биологические базы данных	3	2	2	2	0	устный опрос
3.	Тема 3. Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	3	3	0	4	0	устный опрос контрольная работа

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
4.	Тема 4. Сиквенирование геномов	3	4	2	0	0	устный опрос
5.	Тема 5. Методы и алгоритмы предсказания белков	3	5	2	2	0	устный опрос контрольная работа
6.	Тема 6. Метабономика	3	6	2	0	0	контрольная работа устный опрос
7.	Тема 7. Сравнительные геномика и протеомика	3	7	2	4	0	устный опрос контрольная работа
8.	Тема 8. Структурная биоинформатика	3		2	2	0	контрольная работа устный опрос
	Тема . Итоговая форма контроля	3		0	0	0	зачет
	Итого			14	14	0	

4.2 Содержание дисциплины

Тема 1. Введение в биоинформатику

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Устройство клетки и биоинформационные задачи возникающие при ее исследовании. Понятие о генетическом коде, транскрипции, трансляции.

Тема 2. Биологические базы данных

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Структура мировых знаний в биоинформатике. Публичные базы данных и инструментарий: NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB.

практическое занятие (2 часа(ов)):

Практическое занятие по поиску требуемой информации в публичных базах данных: NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB.

Тема 3. Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей

практическое занятие (4 часа(ов)):

Пакеты биоинформационных программ и алгоритмов. Стандартный пакет биоинформатика для анализа последовательностей (Blast, Mummer и т.д)

Тема 4. Сиквенирование геномов

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Принципы сиквенирования. Сиквенирование по Сэнгеру. Next generation sequencing. Сборка геномов из данных о сиквенсах. Проект геном человека. Неразрешенные задачи в области сиквенирования. Аннотация геномов. Понятие о COG. Признаки гена в последовательности ДНК. Факторы транскрипции и сайты связывания.

Тема 5. Методы и алгоритмы предсказания белков

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Стандартные методы и алгоритмы предсказания белков. Протеоеномный подход к проверке предсказаний. Понятие доменов в структуре белков

практическое занятие (2 часа(ов)):

Практическое занятие по моделированию структуры белка по гомологии с использованием интернет-ресурсов (SwissProt), а также различных программ (Coffee)

Тема 6. Метабономика

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Метаболиты в клетке. Оценка достоверности данных о метаболитах. Использование баз по метаболитам и метаболические реконструкции. Сравнительная метабономика.

Тема 7. Сравнительная геномика и протеомика

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Филогенетические деревья. Выявление минимального набора жизненно важных функций

практическое занятие (4 часа(ов)):

Семинарское занятие по обсуждению материалов лекции Практическое занятие по изучению метаболических реконструкций с использованием публичных баз данных

Тема 8. Структурная биоинформатика

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Вторичные, третичные и четвертичные структуры белков. Анализ конформаций при поиске мишеней. База структур PDB.

практическое занятие (2 часа(ов)):

Практическое занятие по поиску требуемой информации (первичная, вторичная, третичная и четвертичная структура белка) в базе данных PDB. Анализ белковой структуры.

4.3 Структура и содержание самостоятельной работы дисциплины (модуля)

N	Раздел Дисциплины	Семестр	Неделя семестра	Виды самостоятельной работы студентов	Трудоемкость (в часах)	Формы контроля самостоятельной работы
1.	Тема 1. Введение в биоинформатику	3	1	подготовка к устному опросу	6	устный опрос
2.	Тема 2. Биологические базы данных	3	2	подготовка к устному опросу	5	устный опрос
3.	Тема 3. Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	3	3	подготовка к контрольной работе	4	контрольная работа
				подготовка к устному опросу	2	устный опрос
4.	Тема 4. Сиквенирование геномов	3	4	подготовка к устному опросу	6	устный опрос
5.	Тема 5. Методы и алгоритмы предсказания белков	3	5	подготовка к контрольной работе	4	контрольная работа
				подготовка к устному опросу	2	устный опрос
6.	Тема 6. Метабономика	3	6	подготовка к контрольной работе	3	контрольная работа
				подготовка к устному опросу	2	устный опрос

N	Раздел Дисциплины	Семестр	Неделя семестра	Виды самостоятельной работы студентов	Трудоемкость (в часах)	Формы контроля самостоятельной работы
7.	Тема 7. Сравнительные геномика и протеомика	3	7	подготовка к контрольной работе	3	контрольная работа
				подготовка к устному опросу	2	устный опрос
8.	Тема 8. Структурная биоинформатика	3		подготовка к контрольной работе	3	контрольная работа
				подготовка к устному опросу	2	устный опрос
	Итого				44	

5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения

В соответствии с требованиями ФГОС удельный вес занятий, проводимых в активных и интерактивных формах, составляет не менее 40% аудиторных занятий. В процессе изучения дисциплины "Биоинформатика" на занятиях в компьютерном классе студенты получают навыки самостоятельной работы с биоинформационными банками и программными пакетами.

6. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины и учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов

Тема 1. Введение в биоинформатику

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: Устройство клетки и биоинформационные задачи, возникающие при ее исследовании. Понятие о генетическом коде, транскрипции, трансляции. (максимальное кол-во баллов -1)

Тема 2. Биологические базы данных

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: Публичные базы данных, форматы записей, программный инструментарий : NCBI, EBI, KEGG, SwissProt, PDB (максимальное кол-во баллов -1)

Тема 3. Анализ полинуклеотидных и полипептидных последовательностей

контрольная работа , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: возможности биоинформационных программ и алгоритмов для анализа последовательностей. (максимальное кол-во баллов-2) Контрольная работа выполняется на компьютерах с помощью программы Blast (максимальное кол-во баллов -8)

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: возможности биоинформационных программ и алгоритмов для анализа последовательностей. (максимальное кол-во баллов-2)

Тема 4. Сиквенирование геномов

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: Принципы сиквенирования. Сиквенирование по Сэнгеру. Сборка геномов из данных о сиквенсах. Проект геном человека. Аннотация геномов. (максимальное кол-во баллов -2)

Тема 5. Методы и алгоритмы предсказания белков

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа выполняется на компьютерах с помощью программ предсказания вторичной структуры белка по аминокислот-ной последовательности (Pfam и др) (максимальное кол-во баллов -8)

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: Стандартные методы и алгоритмы предсказания вторичной структуры белков, понятие доменов в структуре белков (максимальное кол-во баллов -1)

Тема 6. Метаболомика

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа выполняется на компьютерах с помощью программ из ExPASy Tools (максимальное кол-во баллов -8)

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются следующие вопросы: Использование баз по метаболитам и метаболические реконструкции, сравнительная метаболомика. (максимальное кол-во баллов -1)

Тема 7. Сравнительная геномика и протеомика

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа выполняется на компьютерах с помощью программ Clustal W, Phylip (максимальное кол-во баллов -8)

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются вопросы построения филогенетических деревьев на основании полинуклеотидных и полипептидных последовательностей (максимальное кол-во баллов -1)

Тема 8. Структурная биоинформатика

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа выполняется на компьютерах с помощью программ-вьюеров (VMD, SPDBV) (максимальное кол-во баллов -8)

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос проводится в форме проблемно-исследовательской беседы, в ходе которой обсуждаются вопросы пространственной структуры белков, анализа конформаций при поиске мишеней, формат записей в базе структур PDB. (максимальное кол-во баллов -1)

Тема . Итоговая форма контроля

Примерные вопросы к зачету:

Во время семестра студент имеет возможность получить максимальное число баллов - 50.

Итоговый контроль осуществляется в форме устного зачета, на котором студентам необходимо ответить на вопросы билетов. Результат зачета проставляется в приложении к диплому.

На зачете студент имеет возможность получить максимальное число баллов - 50. Студент может получить следующие оценки с учетом продемонстрированных знаний:

- 41-50 баллов - студент должен безошибочно ответить на вопросы, представленные в билете, а также продемонстрировать свободное владение материалом при ответе на до-полнительные вопросы;

- 31-40 баллов - студент безошибочно ответил на вопросы, представленные в билете, но не точно или не в полном объеме раскрыл дополнительно заданные вопросы;

- 21-30 баллов - студент ответил на вопросы, представленные в билете, но затрудняется в ответах на дополнительные вопросы;
- 11-20 баллов - студент затрудняется в ответах на вопросы билета, отвечает только после наводящих вопросов, демонстрируя слабое знание при ответе на дополнительные вопросы;
- 10 баллов и менее - студент продемонстрировал слабые знания при ответе на вопросы, сформулированные в билете, не ответил ни на один из дополнительных вопросов;
- 0 баллов - студент не ответил ни на один из вопросов билета. После подготовки по второму (дополнительному) билету также не продемонстрировал знаний по данному предмету. Студент, не явившийся на экзамен без уважительной причины, также получает 0 баллов.

Примерные варианты контрольных работ

1. "Исследовательская" (протеомика, массспектроскопия)

Анализ и идентификация реального образца белка. Полученный белок подвергнут расщеплению под действием трипсина. Проведен масс-спектрометрический анализ смеси полученных пептидов и идентифицированы 12 из них.

m/z Intens.

524,0297 78,46803

568,0103 340,4989

624,4703 274,0348

765,7037 160,0496

841,503 141,0422

906,8798 49,12902

1357,804 138,6435

1729,986 104,2812

1730,984 78,6473

1775,092 292,4921

2008,3 129,2828

2359,535 20,6769

Определите белок по MS спектру при помощи соответствующих программ. Определите функцию белка, где он встречается.

2. Структура белков.

Скачайте структуру C1R COMPLEMENT SERINE PROTEASE из Protein Data Bank Используя Pfam (ProteinFamiliesdatabase) получите информацию о доменной организации этого белка. Запишите количество аминокислотных остатков, входящих в каждый домен. Визуализируйте структуру. Окрасьте атомы каждого домена одним цветом (все домены должны получиться разного цвета). Выделите аминокислотные остатки, формирующие дисульфидные связи в белке.

3. Используя Chems sketch, изобразите молекулу лизофосфолипида. Лизофосфолипид - это производное глицерина, в котором к одной из гидроксильных групп присоединен остаток фосфорной кислоты, к другой - остаток жирной кислоты. Изображение лизофосфолипида должно быть окрашено двумя цветами: одним цветом следует окрасить гидрофильную (заряженную) часть структуры, другим цветом - гидрофобную. Назовите изображенное вами соединение по номенклатуре IUPAC, если возможно, дайте тривиальное название вещества. Многократно используя схематичное изображение, приведенное ниже, изобразите структуры, которые образуют эти молекулы в воде и в неполярном растворителе. Назовите эти структуры.

4. Даны 2 последовательности: ATTCTCGTTTTTTTCCCCAGTAGAGGTGATAATATG и ATCTCGTTATTTCCAAGGCGTGGTGCTAACATC. Сделайте выравнивание. Транспируйте их в последовательность аминокислот. Сравните полученные аминокислотные последовательности. Можно ли по этим фрагментам определить функцию продукта трансляции?

5. Имеется сиквенс некоторого гена. Вот его нуклеотидная последовательность:
atgagtaaaggagaagaacttttctactggagtggtcccagttctgtgaattagatggcgatgtaatggg
caaaaattctctgtcagtgaggagggggaaggatgcaacatacggaaaactacccttaattttattg
cactactgggaagctacctgttccatggccaacactgtcactactttcttattggtgttcaatgcttctc
aagatacccagatcatatgaacagcatgacttttcaagagtgccatgcccgaaggttatgtacaggaa
agaactatattttacaagatgacgggaactacaagacacgtgctgaagtcaagttgaaggatgataccc
ttgtaatagaatcgagttaaaaggattgattttaaagaagatggaaacattcttgacacaaaatggaa
tacaactataactcacataatgtatacatcatgggagacaaaccaagaatggcatcaaagttaactca
aaattagacasaacattaagatggaagcgttcaattagcagaccattatcaacaaaatactccaattgg
cgatggccctgtcctttaccagacsaaccattacctgtccacacsaatctgccctttccaagatcccaac
gaaaagagagatcacatgatccttctgagttgtaacagctgctaggattacacatggcatggatgaacatacaaa
- Определить, что это за ген и подобрать праймеры, чтобы можно было определить присутствие этого гена в трансформированном организме.
6. Сигнальный путь инсулина. Скачать генную сеть для сигнального пути инсулина, прокомментировать последовательность реакций.
7. Какова нормальная функция белка, отсутствующая при болезни Менке? Имеется ли гомолог этого гена в геноме *A.thaliana*? Если да, какова функция этого гена в *A.thaliana*?
8. Какая хромосома коровы содержит участок, гомологичный региону 8q21.12 чело-веческой хромосомы?
9. Мутацией, приводящей к серповидно-клеточной анемии, является единственная замена основания А на Т, приводящая к замене Glu → Val в β-цепи гемоглобина. Замена оснований происходит в последовательности 5'-GTGAG-3' (нормальная) → GTGTG (мутантная) Какая рестриктаза может быть использована для обнаружения этого отличия? Какова ее специфичность?
10. Люди-приматы, к которым относятся человекообразные обезьяны, мартышки, лемуры, тарсиры. На основе кластера гена β-глобина человека, шимпанзе, европейской обезьяны, американской обезьяны, лемура и долгопята получите филогенетическое древо этих групп.

Вопросы к зачету

Теоретические

1. Каким открытиям и достижениям в молекулярной биологии, генетике и информатике обязана своим возникновением биоинформатика?
2. Привести характеристики генома человека.
3. Назвать информационные технологии, применяющиеся в биоинформатике.
4. Основные задачи биоинформатики
5. Информационные потоки в биологических самовоспроизводящихся системах
6. Методы распознавания функциональных участков в нуклеотидных последовательностях
7. Методы сравнения первичных структур молекул биополимеров
8. Проблемы филогении геномных последовательностей.
9. Предсказание функций генов.
10. Сравнение геномов
11. Методы предсказания пространственных структур белков
12. Методы моделирования цепей метаболических реакций
13. Алгоритмы сборки геномных последовательностей из фрагментов
14. Подбор праймеров для ПЦР и зондов для гибридизации. Подбор зондов для микрочипов
15. Генетический алгоритм обработки данных, схемы реализации.

Практические

1. Построение выравнивания двух коротких искусственных последовательностей
2. Построение выравнивания двух реальных последовательностей
3. Редактирование выравнивания
4. Выравнивание последовательностей со схожей функцией (возможных гомологов)

5. Выравнивание последовательностей, содержащих участки гомологии
6. Найти последовательность по фрагменту
7. С помощью программы BLAST проведите поиск по банку данных Swiss-Prot для репрессора рибозного оперона RbsR из *Bacillus subtilis* (как вариант).
8. Сравнить множественное выравнивание, построенное программой ClustalW, с "правильным" выравниванием из BaliBase
9. Оценить консервативность аминокислотных остатков в зоне контакта с функциональным лигандом
10. Составить паттерн по множественному выравниванию
11. Провести поиск по паттерну
12. Найти и описать все известные паттерны в белке
13. Найдите в БД документ, содержащий информацию о белке
14. Построить матрицу переходных вероятностей замен аминокислотных остатков .
15. Дано описание функций белка, название организма, элемент структуры. Получить трехмерное изображение.
16. Поиск сигналов регуляции транскрипции в последовательностях

7.1. Основная литература:

1. Леск А. Введение в биоинформатику - М.: БИНОМ.Лаборатория знаний, 2009. - 318с. 1 экз
2. Акберова Н.И. Метилирование генов-супрессоров при раке простаты : Учеб.пособие/Н.И.Акберова, И.И.Ибрагимова. - Казань: Изд-во Казанск.гос.ун-та, 2008. - 33 с. 21 экз

7.2. Дополнительная литература:

1. Baxevanis A.D., B. F. Francis Oulette. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Second Edition. Wiley-Interscience, 2001
2. Глик, Бернад. Молекулярная биотехнология: Принципы и применение / Б. Глик, Д. Пастернак; Пер. с англ.: Н.В. Баскаковой и др. под ред. Н.К. Янковского.-М.: Мир, 2002.-589с.
3. Нефедов, Евгений Иванович. Современная биоинформатика / Е.И. Нефедов, Т.И. Субботина, А.А. Яшин.-Москва: Горячая линия - Телеком, 2005.- 272 с.: ил.; 21.-Библиогр.: с. 266-270.
4. Б. Глик, Дж. Пастернак Молекулярная биотехнология. Принципы и применение DJVU, 589 стр., 2002 г.

7.3. Интернет-ресурсы:

- Entrez cross-database search page - www.ncbi.nlm.nih.gov
Биоинформационные ресурсы для геномики и протеомики - www.expasy.org
Биологические банки и базы данных - www.nsu.ru/education/i4biol/noframes/reviewdb.html
Программы анализа полинуклеотидных и полипептидных последовательностей - <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>
Программы множественного выравнивания - www.genome.jp/tools/clustalw/
Форум по молекулярной биологии - www.molecularstation.com/ru/bioinformatics/biological-databases

8. Материально-техническое обеспечение дисциплины/модуля согласно утвержденному учебному плану

Освоение дисциплины "Биоинформатика" предполагает использование следующего материально-технического обеспечения:

Мультимедийная аудитория, вместимостью более 60 человек. Мультимедийная аудитория состоит из интегрированных инженерных систем с единой системой управления, оснащенная современными средствами воспроизведения и визуализации любой видео и аудио информации, получения и передачи электронных документов. Типовая комплектация мультимедийной аудитории состоит из: мультимедийного проектора, автоматизированного проекционного экрана, акустической системы, а также интерактивной трибуны преподавателя, включающей тач-скрин монитор с диагональю не менее 22 дюймов, персональный компьютер (с техническими характеристиками не ниже Intel Core i3-2100, DDR3 4096Mb, 500Gb), конференц-микрофон, беспроводной микрофон, блок управления оборудованием, интерфейсы подключения: USB, audio, HDMI. Интерактивная трибуна преподавателя является ключевым элементом управления, объединяющим все устройства в единую систему, и служит полноценным рабочим местом преподавателя. Преподаватель имеет возможность легко управлять всей системой, не отходя от трибуны, что позволяет проводить лекции, практические занятия, презентации, вебинары, конференции и другие виды аудиторной нагрузки обучающихся в удобной и доступной для них форме с применением современных интерактивных средств обучения, в том числе с использованием в процессе обучения всех корпоративных ресурсов. Мультимедийная аудитория также оснащена широкополосным доступом в сеть интернет. Компьютерное оборудование имеет соответствующее лицензионное программное обеспечение.

Компьютерный класс, представляющий собой рабочее место преподавателя и не менее 15 рабочих мест студентов, включающих компьютерный стол, стул, персональный компьютер, лицензионное программное обеспечение. Каждый компьютер имеет широкополосный доступ в сеть Интернет. Все компьютеры подключены к корпоративной компьютерной сети КФУ и находятся в едином домене.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВПО и учебным планом по направлению 020100.68 "Химия" и магистерской программе Хемоинформатика и молекулярное моделирование .

Автор(ы):

Акберова Н.И. _____

"__" _____ 201__ г.

Рецензент(ы):

Антипин И.С. _____

"__" _____ 201__ г.

Лист согласования

N	ФИО	Согласование
1	Алимова Ф. К.	Согласовано
2	Антипин И. С.	
3	Бычкова Т. И.	
4	Чижанова Е. А.	
5	Соколова Е. А.	
6	Тимофеева О. А.	