

Міністерство освіти і науки України

Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна

Кафедра біохімії

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

Перший проректор

«\_\_\_\_\_» \_\_\_\_\_ 20\_\_ р.

Програма навчальної дисципліни

Біоінформатика

(назва навчальної дисципліни)

напря́м

040102 – Біологія

спеціальність

8.04010201\* – Біологія, 8.04010205 – Біохімія, 8.04010209 –  
Генетика, 8.04010212 – Фізіологія людини та тварин

(шифр, назва спеціальності)

спеціалізація

\_\_\_\_\_  
(шифр, назва спеціалізації)

факультет

Біологічний

(назва підрозділу)

2015/ 2016 навчальний рік

Програму рекомендовано до затвердження Вченою радою факультету

« \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20\_\_ року, протокол № \_\_\_\_

РОЗРОБНИК ПРОГРАМИ: Бараннік Т.В., к.б.н., доцент, доцент кафедри біохімії  
Харківського національного університету імені В. Н. Каразіна

Програму схвалено на засіданні кафедри біохімії

Протокол від « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20\_\_ року, № \_\_\_\_

Завідувач кафедри біохімії

\_\_\_\_\_  
(підпис) Перський С. Е.  
(прізвище та ініціали)

Програму погоджено методичною комісією біологічного факультету

Протокол від « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20\_\_ року № \_\_\_\_

Голова методичної комісії \_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_  
(підпис) (прізвище та ініціали)

## ВСТУП

Програма навчальної дисципліни \_\_\_\_\_ « Біоінформатика » \_\_\_\_\_ складена відповідно до освітньо-професійної програми підготовки

другого (магістерського) рівня вищої освіти

напряму \_\_\_\_\_

спеціальностей 8.04010201\*– Біологія, 8.04010205 – Біохімія,

8.04010209 – Генетика, 8.04010212 – Фізіологія людини та тварин

**Предметом** вивчення навчальної дисципліни \_\_\_\_\_ Біоінформатика

є біологічна інформація, яка міститься у базах даних: її різновиди, підходи до її пошуку, програмні засоби її аналізу та застосування у сучасних біологічних дослідженнях

Програма навчальної дисципліни складається з таких розділів:

1. Різноманітність біологічної інформації. Підходи до її пошуку у мережі інтернет. Бази знань. Геномні браузері.
2. Аналіз послідовностей нуклеїнових кислот та білків. Застосування результатів аналізу послідовностей.
3. Основи структурної біоінформатики.

### **1. Мета та завдання навчальної дисципліни**

1.1. Метою викладання навчальної дисципліни \_\_\_\_\_ Біоінформатика \_\_\_\_\_

є формування у студентів здатності до системного пошуку та аналізу наукової інформації в галузі біології за допомогою баз знань в мережі інтернет та комп'ютерних програм

1.2. Основними завданнями вивчення дисципліни \_\_\_\_\_ Біоінформатика \_\_\_\_\_ є

(1) здобуття системи знань про методологію пошуку біологічної інформації за допомогою сучасних баз знань у мережі інтернет

(2) формування навичок використання баз знань та комп'ютерних програм (на прикладі тих, що найбільш цитуються у науковій літературі) для аналізу біологічної інформації

(3) здобуття системи уявлень про напрями застосування біоінформатики у наукових дослідженнях в галузі сучасної біології

1.3. Згідно з вимогами освітньо-професійної програми, студенти мають досягти таких результатів навчання: здатність використовувати біоінформаційні ресурси у наукових дослідженнях в галузі сучасної біології для пошуку і аналізу біологічної інформації.

#### 1.3.1 Знання:

- Сучасні уяви про бази знань в галузі біології
- Види інформації в базах даних генів та продуктів їх експресії.
- Методологія пошуку та аналізу біологічної інформації.

- Підходи до моделювання структури біополімерів та їх взаємодії.

### 1.3.2 Вміння:

- пошук інформації щодо конкретного білку або гену,
- пошук послідовностей НК та білків,
- вирівнювання послідовностей,
- користування геномними браузерями,
- проведення гомологічного моделювання структури білку,
- моделювання взаємодії білку та ліганду або двох білків
- надання характеристики гена або продукту його експресії за допомогою відповідної термінології за результатами аналізу певних біоінформаційних ресурсів
- вміння подати результати наукових досліджень з використанням баз знань в галузі сучасної біології
- вміння вести наукову дискусію з пошуку та аналізу біологічної інформації на підставі використання баз знань

## 2. Опис навчальної дисципліни

Найменування показників	Галузь знань, напрям підготовки, освітньо-кваліфікаційний рівень	Характеристика навчальної дисципліни	
		денна форма навчання	заочна форма навчання
Кількість кредитів – 3	Галузь знань <u>Біологія</u> (шифр і назва)  Напрямок: <u>040102 – Біологія</u> (шифр і назва)	За вибором студента (Цикл фундаментальної природничо-наукової підготовки)	
Індивідуальне завдання –	Спеціальність: <u>8.04010201*– Біологія,</u> <u>8.04010205 – Біохімія,</u> <u>8.04010209 – Генетика,</u> <u>8.04010212 – Фізіологія людини та тварин</u>  Рівень вищої освіти: <u>другий (магістерський)</u>	Рік підготовки:	
Загальна кількість годин 90		1-й	1-й
Тижневих годин для денної форми навчання:  аудиторних – <u>3</u>  самостійної роботи студента – <u>5</u>		Семестр	
		2-й	2-й
		Лекції	
		11 год	4 год
		Практичні, семінарські	
		–	
		Лабораторні	
		22 год	6 год
	Самостійна робота		
57 год	80 год.		
Індивідуальне завдання: -			
Види контролю: Залік, 1 к/р			

Співвідношення кількості годин аудиторних занять до самостійної і індивідуальної роботи становить:

для денної форми навчання – 37% / 63%

для заочної форми навчання – 11% / 89%

### **3. Виклад змісту навчальної дисципліни**

*Розділ 1. Різноманітність біологічної інформації. Підходи до її пошуку у мережі інтернет. Бази знань. Геномні браузері.*

Тема 1. Сучасні уяви про методологію пошуку інформації у галузі сучасної біології. Предмет дослідження біоінформатики. Поняття «біологічна інформація». Біоінформаційні ресурси: бази даних та програмні інструменти, колекції посилань, цитування. Спеціальні випуски журналу Nucleic Acid Research.

Тема 2. Бази знань в галузі біології та медицини: загальна характеристика, приклади. NCBI. UniProt. Літературні бази даних. PubMed. HighWire. Medline. Бази даних генів та продуктів їх експресії. NCBI Gene.

Тема 3. Геномні браузері: загальна характеристика. Ensembl. USCS.

*Розділ 2. Аналіз послідовностей нуклеїнових кислот та білків. Застосування результатів аналізу.*

Тема 4. Формати файлів та шляхи пошуку послідовностей нуклеїнових кислот і білків (на прикладі NCBI, UniProt). Перехресні посилання. NCBI Gene. HGNC. Ensembl.

Тема 5. Сучасні уяви про порівняння послідовностей білків та нуклеїнових кислот. Програмне забезпечення для парного вирівнювання послідовностей білків та нуклеїнових кислот. Пошук гомологів. NCBI Blast. Psi-Blast.

Тема 6. Множинне вирівнювання НК та білків. Clustal. Використання результатів вирівнювання для оцінки гомології і філогенетичних зв'язків.

Тема 7. Анотація геному як напрям застосування вирівнювання біополімерів.

Тема 8. Оцінка консервативності і виявлення функціональних фрагментів у структурі білків. Мотиви. Паттерни. Pfam. PROSITE.

*Розділ 3. Основи структурної біоінформатики*

Тема 9. Дані результатів досліджень просторової структури біополімерів. Візуалізація структури. RasMol та інші програми.

Тема 10. PDB: загальна характеристика, загрузка даних, формати файлів.

Тема 11. Класифікація білків за особливостями просторової структури. Scop. CATH.

Тема 12. Сучасні методи передбачення просторової структури білків. Моделювання за гомологією та ab initio.

Тема 13. Застосування даних хемоінформатики: бази даних біологічно активних речовин. Формати файлів. Пошук он-лайн за формулою.

Тема 14. Різновиди докінгу біомолекул: докінг біополімерів та біополімеру і ліганду. Біоінформаційні ресурси вільного доступу для моделювання молекулярного докінгу. Застосування у дизайні ліків.

Тема 15. Молекулярна динаміка: загальна характеристика, методологічні підходи та застосування. Грід-технології.

#### 4. Структура навчальної дисципліни

Назви розділів і тем	Кількість годин											
	Денна форма						Заочна форма					
	Усь ого	у тому числі					Усь ого	у тому числі				
		л	п	л.б	інд	с.р		л	п	лб	інд	с.р
<b>Розділ 1.</b> Різноманітність біологічної інформації. Підходи до її пошуку у мережі інтернет. Бази знань. Геномні браузері.												
Тема 1. Пошук біологічної інформації	8	1		2		5	8	0,5		1		6,5
Тема 2. Бази знань	10	0,5		2		7,5	10	-		1		9
Тема 3. Геномні браузері	10	0,5		2		7,5	10	0,5		1		8,5
Разом за розділом 1	28	2		6		20	28	1		3		24
<b>Розділ 2.</b> Аналіз послідовностей нуклеїнових кислот та білків. Застосування результатів аналізу.												
Тема 4. Пошук послідовностей. Формат fasta.	5	0,5		2		2,5	5	-		1		4
Тема 5. Пошук гомологів. Парне вирівнювання	6	1		2		3	6	0,5		1		4,5
Тема 6. Множинне вирівнювання та філогенетика	6	1		1		4	6	0,5		1		4,5
Тема 7. Анотація геному	4	0,5		1		2	4	-		-		4
Тема 8. Аналіз функціональних ділянок	9	1		2		6	9	0,5		1		7,5
Разом за розділом 2	30	4		8		18	30	1,5		4		24,5
<b>Розділ 3.</b> Основи структурної біоінформатики												
Тема 9. Візуалізація	3	0,5		0,5		2	3	-		-		3
Тема 10. PDB	8	1		2		5	8	0,5		1		6,5
Тема 11. Класифікація стр.	3	0,5		0,5		2	3	-		-		3
Тема 12. Моделювання структури	5	1		1		3	5	0,5		-		4,5
Тема 13. Хемоінформатика	6	1		2		3	6	0,5		1		4,5
Тема 14. Молекулярний докінг	5	0,5		2		2,5	5	-		-		5
Тема 15. Молекулярна динаміка	2	0,5		-		1	2	-		-		2
Разом за розділом 3	32	5		8		19	32	1,5		2		28,5
<b>Усього годин</b>	<b>90</b>	<b>11</b>		<b>22</b>		<b>57</b>	<b>90</b>	<b>4</b>		<b>6</b>		<b>80</b>

## 5. Теми семінарських (практичних, лабораторних) занять

### Лабораторні заняття

№ з/п	Назва теми	Кількість годин	
		Денне	Заочне
1.	Колекції посилань. NAR. Пошук літератури у базі PubMed.	2	1
2.	NCBI. UniProt.	2	1
3.	Геномні браузері. Ensembl. UCSC.	2	0.5
4.	Пошук гомологів та вирівнювання послідовностей НК і білків за допомогою BLAST (NCBI).	2	1
5.	Множинне вирівнювання Cobalt. ClustalW і O. Філогенетичні програми. Анотація геному (GeneFinder)	2	0.5
6.	Аналіз послідовності білків. Pfam. PROSITE.	2	0.5
7.	Просторова структура білків. PDB.	2	1
8.	SCOP. CATH. Моделювання структури білків.	2	
9.	Пошук речовини за хімічною формулою. PubChem. Chebi.	2	0.5
10.	Докінг. Програми вільного доступу.	2	
11.	Обговорення звітів за результатами лабораторних робіт (30 хв). Контрольна робота (60 хв).	2	
	<i>Всього</i>	22	6

## 6. Самостійна робота

№ з/п	Назва теми	Кількість годин		Форма контролю
		Денне	Заочне	
1.	Опрацювання навчального матеріалу з розділу 1 (теми 1-3)	12	15	Поточне тестування, звіти за результатами лабораторних робіт
2.	Опрацювання навчального матеріалу з розділу 2 (теми 4-8)	12	15	
3.	Опрацювання навчального матеріалу з розділу 3 (теми 9-15)	12	15	
4.	Підготовка до контрольної роботи за розділами 1-3	21 (8+6+7)	35 (9+9,5+13,5)	Контрольна робота
	<i>Всього</i>	57	80	

## 7. Індивідуальні завдання

Не передбачені навчальним планом

## 8. Методи навчання

Лекції і мультимедійні презентації; консультації, обговорення тем самостійної роботи; виконання і обговорення результатів лабораторних робіт; виконання і подання звітів за результатами лабораторних робіт.

Лекції побудовані у ракурсі проблемно-орієнтованого навчання з акцентом на методологію рішення певних проблем сучасної біології за допомогою біоінформаційних ресурсів. Передбачають викладення теоретичного матеріалу, ілюстровані мультимедійними презентаціями, надають теоретичну основу для подальшої роботи на лабораторних заняттях.

Лабораторні заняття передбачають роботу у мережі інтернет у комп'ютерному класі, у ході якої студенти здобувають вміння пошуку та аналізу інформації. Кожна лабораторна робота забезпечена інструкцією до виконання завдання у вигляді текстового файлу.



## 9. Методи контролю

1 контрольна робота, перевірка письмових звітів за результатами лабораторних робіт, поточне тестування.

## 10. Розподіл балів, які отримують студенти

Поточний контроль та самостійна робота															Сума
Розділ 1			Розділ 2					Розділ 3							
T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10	T11	T12	T13	T14	T15	
4	12	6	8	8	4	6	14	2	6	4	8	10	6	2	100

Вид роботи	Параметр оцінювання	макс	мін
Контрольна робота	Розгорнуті відповіді на 2 питання	20	10
Лабораторний практикум	10 лаб. робіт *3 бали : оцінюється виконання (2), заповнення лаб. журналу (завдання, ресурс, результати - 1)	30	15
Звіти за результатами лабораторних робіт	Письмовий звіт та його захист: за розділом 1 – заняття 1-3 (10 балів); за розділами 2-3 – заняття 4-8 (20 балів)	30	15
Поточне тестування	Короткі відповіді на тестові питання	20	10
	всього	100	50

## Шкала оцінювання

Сума балів за всі види навчальної діяльності протягом семестру	Оцінка за національною шкалою	
	для екзамену, курсової роботи (проекту), практики	для заліку
90 – 100	відмінно	зараховано
80-89	добре	
70-79		
60-69		
50-59	задовільно	
1-49	незадовільно	не зараховано

## 11. Рекомендоване методичне забезпечення

### Базова література

1. Игнасимуту С. Основы биоинформатики.- М.- Ижевск: НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований.– 2007.– 320 с.
2. Огурцов А.Н. Основы биоинформатики: учеб.пособие. Харьков: НТУ "ХПИ", 2013.- 400 с.
3. Потапов В. В., Потапова У. В., Феранчук С. И., Приставка А. А., Беликов С. И. Решение задач биоинформатики при помощи веб- и интернет-сервисов: учебно-методическое пособие. - Иркутск, гос. ун-т, 2011. - 50 с.

### Допоміжна література

4. Lesk A.M. Introduction to Bioinformatics. Second edition.– Oxford, UK: Oxford University Press.– 2005.– 360 p.

5. Westhead D.R., Parish J.H., Twyman R.M. Bioinformatics. – Oxford, UK: BIOS Scientific Publishers Ltd.– 2002.– 257 p.
6. Гельман В.Я. Медицинская информатика: Практикум (2-е изд).– СПб: Питер, 2002.– 480 с.
7. Федько В.В., Плоткин В.И. Глобальная сеть интернет.– Харьков: изд-во «Ранок», 2003.– 96 с.

## **Інформаційні ресурси**

### *Розділ 1. Бази знань, пошук інформації*

<http://www.oxfordjournals.org/nar/database/cap/>

[http://bioinformatics.ca/links\\_directory/](http://bioinformatics.ca/links_directory/)

NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Ensembl <http://www.ensembl.org/index.html>

GeneCards <http://www.genecards.org/>

Expasy <http://www.expasy.org/>

UCSC <http://www.genome.ucsc.edu/>

EBI <http://www.ebi.ac.uk/>

UniProt <http://www.uniprot.org/>

### *Розділ 2. Вирівнювання і його застосування*

BLAST: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Clustal <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

<http://www.ebi.ac.uk/interpro/>

<http://pfam.sanger.ac.uk/>

<http://prosite.expasy.org/>

<http://www.bioinf.manchester.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/index.php>

<http://pbil.univ-lyon1.fr/alignment.html>

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>

<http://www.phylogeny.fr/>

### *Розділ 3. Структурна біоінформатика*

PDB <http://www.rcsb.org/pdb/>

<http://www.vls3d.com/links.html>

[http://www.imb-jena.de/~rake/Bioinformatics\\_WEB/dd\\_tools.html](http://www.imb-jena.de/~rake/Bioinformatics_WEB/dd_tools.html)

<http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/>

<http://www.cathdb.info/class.html>

<http://linux1.softberry.com/berry.phtml>

[http://sbc.bioch.ox.ac.uk/links.php#Structure\\_Prediction](http://sbc.bioch.ox.ac.uk/links.php#Structure_Prediction)

<http://www.expasy.org/tools/#secondary>

<http://ekhidna.biocenter.helsinki.fi/dali/start>

<http://bioinfo3d.cs.tau.ac.il/>

<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>

[http://swissmodel.expasy.org/workspace/index.php?func=modelling\\_overview](http://swissmodel.expasy.org/workspace/index.php?func=modelling_overview)

<http://www.newdrugdesign.com/>

<http://modbase.compbio.ucsf.edu/>

<http://autodock.scripps.edu/>

<http://graylab.jhu.edu/docking/rosetta/>

### *Хемоінформатика*

<https://www.ebi.ac.uk/chebi/>

<http://www.emolecules.com/index.php>

<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>