



НАЗВА КУРСУ «ОСНОВИ БІОІНФОРМАТИКИ»  
Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	<i>Перший (бакалаврський)</i>
Галузь знань	16 – Хімічна та біоінженерія
Спеціальність	162 Біотехнології та біоінженерія
Освітня програма	<i>Біотехнології</i>
Статус дисципліни	вибіркова
Форма навчання	Денна
Рік підготовки, семестр	4 курс, весняний семестр
Обсяг дисципліни	Загальна кількість 120 год.
Семестровий контроль/ контрольні заходи	Залік/МКР
Розклад занять	
Мова викладання	Українська
Інформація про керівника курсу / викладачів	Лектор: д.т.н., проф. Горобець Світлана Василівна, <a href="mailto:gorobetssv@gmail.com">gorobetssv@gmail.com</a> Практичні к.т.н., Дем'яненко Ірина Володимирівна, <a href="mailto:iryna.demjanenko@gmail.com">iryna.demjanenko@gmail.com</a>
Розміщення курсу	

Програма навчальної дисципліни

1. Опис навчальної дисципліни, її мета, предмет вивчання та результати навчання

Програма навчальної дисципліни «Основи біоінформатики» складено відповідно до освітньо-професійної програми «Біотехнології» першого бакалаврського рівня вищої освіти спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія».

Навчальна дисципліна належить до циклу професійної підготовки.

Статус навчальної дисципліни – вибіркова.

Обсяг навчальної дисципліни - 4 кредити ЄКТС.

Метою навчальної дисципліни є формування у студентів компетентностей:

- Навички використання інформаційних і комунікаційних технологій
- Здатність вчитися і оволодівати сучасними знаннями
- Здатність комплексно аналізувати біологічні та біотехнологічні процеси на молекулярному та клітинному рівнях
- Здатність використовувати знання про шляхи біосинтезу практично цінних метаболітів для вдосконалення біотехнологій їх одержання

Основні завдання навчальної дисципліни

Після засвоєння навчальної дисципліни студенти мають продемонструвати такі результати навчання:

#### **ЗНАННЯ:**

- знати як працювати з різними базами даних та аналізувати їх, вивчивши основи їх ієрархії та організації.

- розуміти написання програм на мові програмування Python та інших комп'ютерних програм для побудови різноманітних вирівнювань.

- Знання програм BLAST і CLUSTAL з використанням матриць PAM і BLOSUM, програми роботи з 3D-профілями розшифрованих амінокислотних послідовностей, програми swiss-model (моделювання за гомологією), методи розпізнавання фолдингу тощо.

- знання основних наявних нуклеотидних ресурсів біоінформаційних баз даних геномів, виділення з їх складу окремих генів, екзон-інтронної структури окремих нуклеотидних послідовностей, амінокислотних послідовностей, сигнальних послідовностей і т. ін.

- знання можливостей практичного використання біоінформаційних баз даних в дослідженнях з молекулярної біології, біотехнології, медицині, екології тощо.

- знання засобів пошуку окремих складових амінокислотної послідовності у функціонуванні білка для передбачення вторинної та третинної структури білка за її лінійною будовою тощо для можливості практичного використання цих знань при розробці ліків нового покоління.

#### **УМІННЯ:**

- Вміти застосовувати сучасні математичні методи для розв'язання практичних задач, пов'язаних з дослідженням і проектуванням біотехнологічних процесів. Використовувати знання фізики для аналізу біотехнологічних процесів.

- Вміти визначати та аналізувати основні фізико-хімічні властивості органічних сполук, що входять до складу біологічних агентів (білки, нуклеїнові кислоти, вуглеводи, ліпіди).

- Вміти аналізувати біотехнологічні процеси на молекулярному та клітинному рівнях

- Вміти використовувати знання про шляхи біосинтезу практично цінних метаболітів для вдосконалення біотехнологій їх одержання

## **2. Пререквізити та постреквізити дисципліни (місце в структурно-логічній схемі навчання за відповідною освітньою програмою)**

Місце в структурно-логічній схемі навчання забезпечується дисциплінами, такими як загальні хімічні та біологічні дисципліни: «Аналітична хімія», «Біохімія», «Біофізика», «Загальна біологія», «Мікробіологія і вірусологія», «Генетика», «Загальна біотехнологія», «Обчислювальна математика та програмування», а також базовий рівень володіння англійською мовою не нижче А2. У структурно-логічній площині програми підготовки бакалаврів з біотехнології дисципліна базується на попередньо вивчених дисциплінах, які створюють фундамент для подальшої дослідницької і практичної діяльності випускників.

### 3. Зміст навчальної дисципліни

*Надається перелік розділів і тем всієї дисципліни.*

Тема 1. Становлення біоінформатики.

Лекція 1. Формування біоінформатики як самостійної науки. Предмет і задачі біоінформатики.

Лекція 2-3. Біоінформатика як інструмент отримання нових знань.

Тема 2. Основні алгоритми біоінформатики.

Лекція 4. Глобальне вирівнювання двох послідовностей.

Лекція 5. Локальне та псевдоглобальне вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей.

Лекція 6. Вирівнювання двох подібних послідовностей.

Лекція 7. Система премій і штрафів для вирівнювання послідовностей.

Лекція 8. Матриці амінокислотних замінів.

Лекція 9. Множинне вирівнювання.

Лекція 10. Хещування.

Тема 3. Біоінформаційні бази даних.

Лекція 11. Поняття про бази даних: їх структура, класифікація.

Лекція 12-13. Бази даних ДНК, РНК, білків, біодеградації та метаболічних шляхів.

Тема 4. Новітні застосування біоінформатики.

Лекція 14. Фактори, які сприяють розвитку біоінформатики і її статусу.

Лекція 15-16. Геноміка та протеоміка.

### 4. Навчальні матеріали та ресурси

*Зазначається: базова (підручники, навчальні посібники) та додаткова (монографії, статті, документи, електронні ресурси) література, яку потрібно прочитати або використовувати для опанування дисципліни.*

Базова література:

1. Горобець, С. В. Основи біоінформатики [Електронний ресурс]: підручник для студентів напряму підготовки 6.051401 «Промислова біотехнологія» факультету біотехнології і біотехніки / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, Т. А. Хоменко ; НТУУ «КПІ». - Електронні текстові дані (1 файл: 2,72 Мбайт). – Київ : НТУУ «КПІ», 2010
2. Основи біоінформатики. Бази даних молекулярної біології. Практикум / Укладачі: Горобець С.В., Горобець О.Ю., Лень Т.С. – К.:ВПК “Політехніка”, 2009. – 68 с.
3. Пекарський Б.Г. «Основи програмування. Навчальний посібник». – Кондор, 2018. – С. 368.
4. Горобець С. В. Біоінформатика. Практикум [Електронний ресурс]: навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, І.В. Дем'яненко; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл 5.49 Мбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 86с. <https://ela.kpi.ua/handle/123456789/38813>

5. Горобець С. В. Біоінформатичні бази даних [Електронний ресурс] : навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, М. О. Булаєвська ; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл: 3,86 Мбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 117 с. <https://ela.kpi.ua/handle/123456789/36457>

### Інформаційні ресурси

1. **EPD** - Eukaryotic Promoter Database  
Адреса: <http://www.epd.isb-sib.ch/>
2. **oTFD** - object oriented Transcription Factors Database  
Адреса: <http://www.ifti.org/>
3. **PLACE** - PLAnt Cis-acting regulatory DNA Elements database  
Адреса: <http://www.dna.affrc.go.jp/htdocs/PLACE/>
4. **RegulonDB** - A Database on Transcriptional Regulation and Genome Organization  
Адреса: [http://www.cifn.unam.mx/Computational\\_Genomics/regulondb/](http://www.cifn.unam.mx/Computational_Genomics/regulondb/)
5. **TRANSFAC** - eucaryotic trans-acting Transcriptional regulatory Factors and cis-acting regulatory sites database  
Адреса: <http://www.gene-regulation.com/pub/databases.html>
6. **EID** - the Exon-Intron Database  
Адреса: <http://hsc.utoledo.edu/bioinfo/eid/>
7. **TransTerm** - Translational Termination signal database  
Адреса: <http://mrna.otago.ac.nz/Transterm.html>
8. **HOVERGEN** - HOmologous VERtebrate GENs database  
Адреса: <http://pbil.univ-lyon1.fr/databases/hovergen.html>
9. **UniGene**  
Адреса: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=unigene>
10. **WANDA** - A database of duplicated genes in fish  
Адреса: <http://www.evolutionsbiologie.uni-konstanz.de/Wanda/>
11. **RefSeq (LocusLink)** - Reference Sequence standards database  
Адреса: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/RefSeq/>
12. **tRNA** - database of tRNA sequences  
Адреса: <http://trna.bioinf.uni-leipzig.de/DataOutput/>
13. **genomic tRNA database**  
Адреса: <http://gtrnadb.ucsc.edu/>
14. **5S rRNA** - 5S ribosomal RNAs database  
Адреса: <http://rose.man.poznan.pl/5SSData/Main.html>  
<http://biobases.ibch.poznan.pl/5SSData/Main.html>
15. **SILVA databases**  
Адреса: <http://www.arb-silva.de>
16. **OWL** - Composite Protein Sequence Database  
Адреса: <http://bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/OWL/>
17. **PIR** - Protein Information Resource  
Адреса: <http://www-nbrf.georgetown.edu/>  
<http://pir.georgetown.edu/>
18. **SWISS-PROT** - the protein sequence data bank  
Адреса: <http://www.ebi.ac.uk/swissprot/http://www.expasy.ch/sprot/>

19. **trEMBL** - EMBL protein-coding DNA sequence features translated into peptide sequences  
Адреса: <http://www.expasy.ch/sprot>
20. **DSSP** - Dictionary of Secondary Structure of Proteins  
Адреса: <http://swift.cmbi.ru.nl/gv/dssp/>
21. **HSSP** - Homology-derived Secondary Structure of Proteins  
Адреса: <http://swift.cmbi.ru.nl/gv/hssp/>
22. **InterPro** - an integrated documentation resource for protein families, domains and functional sites  
Адреса: <http://www.ebi.ac.uk/interpro/>
23. **DIP** - Database of Interacting Proteins  
Адреса: <http://dip.doe-mbi.ucla.edu/>
24. **BioImage** - Biological Images for scientific research  
Адреса: <http://www.bioimage.org>
25. **BioMagResBank [BMRB]** - repository for data from NMR on proteins, peptides, and nucleic acids  
Адреса: <http://www.bmrwisc.edu/>
26. **CSD** - the Cambridge Structural Database  
Адреса: <http://www.ccdc.cam.ac.uk>
27. **GTOP** - Genomes TO Protein structures and functions  
Адреса: <http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop.html>
28. **MMDB** - Molecular Modelling DataBase  
Адреса: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/MMDB/mmdb.shtml>
29. **MSD** - Macromolecular Structure Database  
Адреса: <http://msd.ebi.ac.uk/index.html>
30. **NDB** - Nucleic acid DataBank  
Адреса: <http://ndbserver.rutgers.edu/>
31. **PDB** - Brookhaven Protein DataBank  
Адреса: <http://www.rcsb.org/pdb/>
32. **DOMO** - protein domain database  
Адреса: <http://abcis.cbs.cnrs.fr/domo/>
33. **InterPro** - an integrated documentation resource for protein families, domains and functional sites  
Адреса: <http://www.ebi.ac.uk/interpro/>
34. **SBASE** - protein domain library  
Адреса: <http://www.icgeb.trieste.it/sbase/>
35. **Blocks** - most highly conserved regions of proteins  
Адреса: <http://blocks.fhcrc.org/>
36. **PROSITE** - PROtein SITES and patterns dictionary  
Адреса: <http://www.expasy.ch/prosite/>
37. **The Homeodomain Resource**  
Адреса: <http://research.nhgri.nih.gov/homeodomain/>
38. **AARSDB** - AminoAcyl-tRNASynthetases DataBase  
Адреса: <http://biobases.ibch.poznan.pl/aars/>
39. **BRENDA** - enzyme database  
Адреса: <http://www.brenda-enzymes.info/>
40. **ENZYME** - ENZYME nomenclature database

- Адреса: <http://www.expasy.ch/enzyme/>
41. **Klotho** - biochemical compounds declarative database  
Адреса: <http://www.biocheminfo.org>
42. **LIGAND** - LIGAND chemical database for enzyme reactions  
Адреса: <http://www.genome.ad.jp/dbget/ligand.html>
43. **MEROPS** - Peptidase database  
Адреса: <http://www.merops.co.uk>
44. **Rebase** - Restriction Enzyme dataBASE  
Адреса: <http://rebase.neb.com/rebase/rebase.html>
45. **RNase P Database** - the RiboNuclease P Database  
Адреса: <http://www.mbio.ncsu.edu/RNaseP/home.html>
46. **BioCyc** - BioCyc Database collection  
Адреса: <http://biocyc.org/>
47. **EcoCyc** - Encyclopedia of E. coli Genes and Metabolism  
Адреса: <http://www.ecocyc.org/>
48. **KEGG** - Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes  
Адреса: <http://www.genome.ad.jp/kegg/>
49. **SoyBase** - Soybean metabolism dataBase  
Адреса: <http://soybase.agron.iastate.edu/>
50. **SPAD** - Signaling PATHway Database  
Адреса: <http://www.grt.kyushu-u.ac.jp/spad/>
51. **ARTICLE@INIST** - INIST catalog of Articles and Monographs  
Адреса: <http://services.inist.fr/>
52. **MedLine**  
Адреса: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=pubmed>  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=PMC>
53. **HvrBase** - primates mtDNA control region sequences compilation  
Адреса: <http://www.hvrbase.de/>
54. **MITOMAP** - human mitochondrial genome database  
Адреса: <http://www.mitomap.org/>
55. **GeneNet** - a Gene Network database  
Адреса: [genenetwork.org/webqtl/main.py](http://genenetwork.org/webqtl/main.py)
56. **CyanoMutants**  
Адреса: <http://www.kazusa.or.jp/cyano/mutants/>
57. **HIV Molecular Immunology Database**  
Адреса: <http://www.hiv.lanl.gov/content/immunology/index.html>
58. **IEDB** - Immune Epitope DataBase  
Адреса: <http://www.immuneepitope.org/>
59. **Kabat** - Kabat database of sequences of proteins of immunological interest  
Адреса: <http://www.kabatdatabase.com/>
60. **MTB** - Mouse Tumor Biology database  
Адреса: <http://tumor.informatics.jax.org/>
61. **OMIA** - On-line Mendelian Inheritance in Animals  
Адреса: <http://omia.angis.org.au/home/>
62. **OMIM** - On-line Mendelian Inheritance in Man  
Адреса: <http://www.omim.org/>
63. **TTD** - Therapeutic Target Database

- Адреса: <http://bidd.nus.edu.sg/group/cjttd/>
64. **AtDB (TAIR) - Arabidopsis thaliana DataBase**  
Адреса: <http://www.arabidopsis.org>
65. **BioKnowledge Library**  
Адреса: <http://www.proteome.com>
66. **CyanoBase - the genome dataBase for Cyanobacteria**  
Адреса: <http://www.kazusa.or.jp/cyano/>
67. **EcoCyc - Encyclopedia of E. coli Genes and Metabolism**  
Адреса: <http://www.ecocyc.org/>
68. **ExpressDB (EXD)**  
Адреса: <http://arep.med.harvard.edu/ExpressDB/>
69. **FlyBase - A Database of the Drosophila Genome**  
Адреса: <http://flybase.org/>
70. **FULL-Malaria - a database for a full-length enriched cDNA library from human malaria parasite, Plasmodium falciparum**  
Адреса: <http://fullmal.hgc.jp/docs/lifecycle.html>
71. **GeneDB**  
Адреса: <http://www.genedb.org/>
72. **HUMBIO - NUMan BIOology database**  
Адреса: <http://obi.img.ras.ru/>
73. **MATDB - MIPS Arabidopsis Thaliana DataBase**  
Адреса: <http://mips.helmholtz-muenchen.de/plant/athal/>
74. **MGI - Mouse Genome Informatics**  
Адреса: <http://www.informatics.jax.org/mgihome/>
75. **PlasmoDB - an integrative database of the Plasmodium falciparum genome**  
Адреса: <http://PlasmoDB.org>
76. **RegulonDB - A Database on Transcriptional Regulation and Genome Organization**  
Адреса: [www.cifn.unam.mx/Computational\\_Genomics/regulondb/](http://www.cifn.unam.mx/Computational_Genomics/regulondb/)
77. **RGD - Rat Genome Database**  
Адреса: <http://rgd.mcw.edu/>
78. **SGD - Saccharomyces Genome Database**  
Адреса: <http://www.yeastgenome.org/>
79. **WormBase**  
Адреса: <http://www.wormbase.org>
80. **ZFIN - The Zebrafish Information Network**  
Адреса: <http://zfin.org>
81. **GENATLAS**  
Адреса: <http://www.dsi.univ-paris5.fr/genatlas/>
82. **GeneCards - encyclopedia for genes, proteins and diseases**  
Адреса: <http://www.genecards.org/>
83. **HGMD - Human Gene Mutation Database**  
Адреса: <http://www.hgmd.org/>
84. **HGNC - The HUGO Gene Nomenclature Committee Database**  
Адреса: <http://www.genenames.org/>
85. **MITOMAP - human mitochondrial genome database**  
Адреса: <http://www.mitomap.org/>
86. **BSD - Biodegradative Strain Database**

- Адреса: <http://bsd.cme.msu.edu/>
87. **UM-BBD** - University of Minnesota Biocatalysis/Biodegradation Database  
Адреса: <http://umbbd.ethz.ch/>
88. **PRIDE** – Proteomics Identifications Database  
Адреса: <http://www.ebi.ac.uk/pride/archive/>
89. **MitoMiner**  
Адреса: <http://mitominer.mrc-mbu.cam.ac.uk>
90. **GelMap**  
Адреса: <http://gelmap.de/>
91. **ModBase**  
Адреса: <http://modbase.compbio.ucsf.edu>
92. **Enzyme Portal**  
Адреса: <http://www.ebi.ac.uk/enzymeportal/>
93. **Pathway Commons**  
Адреса: <http://www.pathwaycommons.org>
94. **Swiss-Model**  
Адреса: <http://www.swissmodel.expasy.org>
95. **PATRIC**  
Адреса: <http://www.patric.vbi.vt.edu>
96. **Small Molecule Pathway Database**  
Адреса: <http://www.smpdb.ca>
97. **Immune Epitope Database**  
Адреса: <http://www.iedb.org>
98. **Ligand Expo** Адреса: <http://www.ligand-expo.rcsb.org>

## Навчальний контент

### 5. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

1	<i>Тема 1. Становлення біоінформатики тут в лекціях СРС не потрібно</i>
2	<p><b>Лекція 1-2.</b> Формування біоінформатики як самостійної науки. Предмет і задачі біоінформатики.</p> <p>Розвиток молекулярної біології та генетики у ХХ сторіччі, сучасні задачі біотехнології та медицини, методи опрацювання великих масивів експериментальних даних молекулярної біології, розвиток комп'ютерної техніки та математичних методів статистичної обробки даних. Основні задачі біоінформатики.</p> <p>Література базова: [1-5]</p> <p>СРС – Ознайомлення з історичним розвитком біоінформатики, як точки перетину багатьох наук.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
4	<i>Тема 2. Основні алгоритми біоінформатики</i>
5	<p><b>Лекція 4.</b> Глобальне вирівнювання двох послідовностей.</p> <p>Поняття про глобальне вирівнювання нуклеотидних та амінокислотних послідовностей. Основний алгоритм побудови глобального вирівнювання послідовностей.</p> <p>Література базова: [1-5]</p>



	<p>СРС – Порівняння часу, необхідного для глобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
6	<p><b>Лекція 5.</b> Локальне та псевдоглобальне вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей.</p> <p>Локальне вирівнювання нуклеотидних та амінокислотних послідовностей. Основний алгоритм побудови локального вирівнювання послідовностей. Псевдоглобальне вирівнювання нуклеотидних та амінокислотних послідовностей. Основний алгоритм побудови псевдоглобального вирівнювання послідовностей.</p> <p>Література базова: [1-5]</p> <p>СРС – Порівняння часу, необхідного для локального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору. Порівняння часу, необхідного для псевдоглобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
	<p><b>Лекція 6.</b> Вирівнювання двох подібних послідовностей.</p> <p>Основний алгоритм побудови швидкого вирівнювання двох послідовностей.</p> <p>Література базова: [1-5]</p> <p>СРС – опрацювання алгоритму швидкого вирівнювання на тестових прикладах.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
	<p><b>Лекція 7.</b> Алгоритм побудови точкової матриці (dot-матриці).</p> <p>Метод порівняння двох послідовностей з метою пошуку можливих локальних вирівнювань символів цих послідовностей без пробілів.</p> <p>Література базова: [1-5].</p> <p>СРС – опрацювання алгоритму побудови точкової матриці на тестових прикладах.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
8	<p><b>Лекція 8.</b> Система премій і штрафів для вирівнювання послідовностей.</p> <p>Лінійна та нелінійна функції штрафу. Використання загальної функції штрафу при побудові вирівнювання послідовностей.</p> <p>Література базова: [1-5].</p> <p>СРС – опрацювання алгоритму вирівнювання з використанням функції штрафів на тестових прикладах.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
1	<p><b>Лекція 9.</b> Хешування.</p> <p>Використання хеш-таблиці для пошуку співпадінь по списку слів.</p> <p>Література базова: [1-5].</p> <p>СРС – Написання алгоритму хешування.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет 2</p>
	<p><b>Лекція 10.</b> Матриці амінокислотних замінів.</p> <p>Матриці Dayhoff та BLUSOM. Обчислення частоти замінів для пари амінокислот на основі PAM (Point Accepted Mutation)-матриць. Властивості PAM-матриць. Визначення та розрахунок вагової матриці для еволюційної відстані в k PAM.</p> <p>Література базова: [1-5].</p> <p>СРС – Порівняння часу, необхідного для глобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та за алгоритмом блочного вирівнювання, написання алгоритму для побудови матриці амінокислотних замінів.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
9	<p><b>Лекція 11.</b> Множинне вирівнювання.</p>

	<p>Множинне вирівнювання. Вага множинного вирівнювання. Узагальнене динамічне програмування.</p> <p>Література базова: [1-5].</p> <p>СРС – опрацювання алгоритмів множинного вирівнювання штрафів на тестових прикладах.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
	<i>Тема 3. Біоінформаційні бази даних</i>
12	<p><b>Лекція 12.</b> Поняття про бази даних: їх структура, класифікація.</p> <p>Визначення біоінформаційних баз даних, їх місце і роль в молекулярній біології. Історія виникнення, найбільш відомі організації – куратори БІБД і створені ними банки даних. Застосування БІБД в різних областях молекулярної біології, основні операції, що виконуються. Класифікація БІБД, основні бази даних, включаючи бази даних по наукових виданнях з молекулярної біології та медицини, бази даних по нуклеотидних та білкових послідовностях, структурі білків, повних геномах, таксономії та ін.</p> <p>Література: джерело Інтернет</p> <p>СРС – ознайомлення з WEB-сторінками основних БІБД, їх структурою, класифікацією за способом заповнення, анотування.</p> <p>Література додаткова: джерело Інтернет</p>
13	<p><b>Лекція 13-14.</b> Бази даних ДНК, РНК, білків, біодеградації та метаболічних шляхів. Спеціалізовані бази даних. Бази даних з біології людини.</p> <p>Загальна характеристика БД ДНК. Загальна характеристика БД мРНК, БД тРНК, БД рРНК. Загальна характеристика БД білків 1D, 2D, 3D структури. Загальна характеристика БД білкових доменів та білкових мотивів, БД взаємозв'язків білків, БД ферментів, БД експресії білків.</p> <p>Література: інформаційні ресурси [1-27].</p> <p>СРС – ознайомлення з WEB-сторінками основних БІБД, їх структурою, класифікацією за способом заповнення, анотування</p> <p>Література додаткова: інформаційні ресурси [1-27].</p>
14	<i>Тема 4. Новітні застосування біоінформатики</i>
16	<p><b>Лекція 15-16.</b> Геноміка та протеоміка.</p> <p>Основні поняття геноміки. Основні поняття протеоміки. Їх зв'язок з біоінформатикою.</p> <p>Література базова: [1,5]</p> <p>СРС – Бази даних з геноміки та протеоміки.</p> <p>Література додаткова: джерело Інтернет</p>
18	<b>Лекція 17.</b> Модульна контрольна робота.
19	<b>Лекція 18.</b> Залік.

**Кожна лекція окремо. Перенесить з лекції модульну та залік на практику**

Практичні заняття

Основні завдання циклу практичних занять:

- робота з програмними пакетами, які використовуються в біотехнології;
- практична робота з сучасними базами даних молекулярної біології.

1	2
1.	<p style="text-align: center;"><b><i>Практична робота 1.</i></b></p> <p>Пошук інформації по базах даних. Використання пошукових систем. Проведення біоінформаційного аналізу геному магнітотаксисних бактерій з різними живими організмами. Робота з програмами BLAST та Cn3D. Література базова: [4].</p> <p>СРС – Пошук інформації в базах даних за темою своєї бакалаврської роботи, побудова філогенетичного дерева магнітотаксисної бактерії <i>Desulfovibrio magneticus sp.</i>, опрацювання програм BLAST та Cn3D на тестових прикладах.</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
2.	<p style="text-align: center;"><b><i>Практична робота 2.</i></b></p> <p>Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму глобального вирівнювання.</p> <p>Література базова: [4]</p> <p>СРС – Порівняння часу, необхідного для глобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору.</p> <p style="text-align: center;">Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
3.	<p style="text-align: center;"><b><i>Практична робота 3.</i></b></p> <p>Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму локального та псевдоглобального вирівнювання.</p> <p>СРС – Порівняння часу, необхідного для локального та псевдоглобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основними алгоритмами та методом прямого перебору.</p> <p>Література базова: [4]</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
4.	<p style="text-align: center;"><b><i>Практична робота 4.</i></b></p> <p>Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму швидкого вирівнювання та алгоритму точкової матриці.</p> <p>СРС – Порівняння часу, необхідного для вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору.</p> <p>Література базова: [4].</p> <p>Література додаткова: Джерело Інтернет</p>
5.	<p style="text-align: center;"><b><i>Практична робота 5.</i></b></p> <p>Побудова вирівнювань послідовностей з використанням загальної функції штрафу.</p> <p>Література базова: [4].</p> <p>СРС – Порівняння часу, необхідного для вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей, з використанням загальної функції штрафу за основним алгоритмом та методом прямого перебору.</p>

	Література додаткова: Джерело Інтернет
6.	<b><i>Практична робота 6.</i></b> Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму хешування. SPS – Порівняння часу, необхідного для вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору. Література базова: [4]. Література додаткова: Джерело Інтернет
7.	<b><i>Практична робота 7.</i></b> Побудова матриць амінокислотних замінів. Література базова: [4]. Література додаткова: Джерело Інтернет
8.	<b><i>Практична робота 8-9.</i></b> Пошук гомологів білків за допомогою програми BLAST NCBI. Література: джерело Інтернет
9.	<b><i>Практична робота 10.</i></b> Вирівнювання 3D структур білків за допомогою інструментів NCBI. Література: джерело Інтернет
10.	<b><i>Практична робота 11-12.</i></b> Побудова філогенетичних дерев за допомогою різних програм Clustel, MegaX. Література: джерело Інтернет
11.	<b><i>Практична робота 13.</i></b> Побудова часового дерева еволюції за допомогою програми MEGA X Література: джерело Інтернет
12.	<b><i>Практична робота 14</i></b> Робота в біоінформатичних базах даних SNP Література: джерело Інтернет
13.	<b><i>Практична робота 15</i></b> Робота в біоінформатичних базах даних. Література: джерело Інтернет
14.	<b><i>Практична робота 16-18.</i></b> Захист рефератів.

#### 6. Самостійна робота студента/аспіранта

Потрібно розписати на що і скільки годин самостійної роботи іде. Наприклад, підготовка до лекцій та практичних – 40 год. Підготовка до заліку – 6 год, до модульної – 4 тощо.

В якості самостійної роботи обрано підготовку до аудиторних занять за наступними темами:

Тема 1. Становлення біоінформатики.

Ознайомлення з історичним розвитком біоінформатики, як точки перетину багатьох наук.

Тема 2. Основні алгоритми біоінформатики.

Порівняння часу, необхідного для глобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору.

Порівняння часу, необхідного для локального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору. Порівняння часу, необхідного для псевдоглобального вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей за основним алгоритмом та методом прямого перебору.

Опрацювання алгоритму вирівнювання з використанням функції штрафів на тестових прикладах.

Опрацювання алгоритмів множинного вирівнювання штрафів на тестових прикладах та алгоритму швидкого вирівнювання.

Написання алгоритму хешування.

Тема 3. Біоінформаційні бази даних.

Ознайомлення з WEB-сторінками основних БІБД, їх структурою, класифікацією за способом заповнення, анотування.

Тема 4. Новітні застосування біоінформатики.

Дати характеристику українським науково-дослідним інститутам, які займаються біоінформатикою.

Бази даних з геноміки та протеоміки.

*Зазначаються види самостійної роботи (підготовка до аудиторних занять, проведення розрахунків за первинними даними, отриманими на лабораторних заняттях, розв'язок задач, написання реферату, виконання розрахункової роботи, виконання домашньої контрольної роботи тощо) та терміни часу, які на це відводяться.*

## Політика та контроль

### 7. Політика навчальної дисципліни (освітнього компонента)

Вивчення дисципліни «Основи біоінформатики» відбувається на лекційних та практичних заняттях. Наочність навчальних занять забезпечується використанням значної кількості ілюстративного матеріалу (схем, таблиць, слайдів). Під час викладання даної дисципліни викладач проводить опитування здобувачів для того, щоб визначити рівень засвоєння ними викладеного матеріалу, важливим є активність здобувачів. Практичні заняття проходять з використанням комп'ютерної техніки та відповідного програмного забезпечення.

Положення про рейтингову систему оцінювання з дисципліни «Основи біоінформатики» до даної робочої навчальної програми представлені в Додатку 2.

*Зазначається система вимог, які викладач ставить перед студентом/аспірантом:*

- *правила відвідування занять (як лекцій, так і практичних/лабораторних);*

Студент зобов'язаний відвідувати всі практичні заняття.

Якщо здобувач не може бути присутнім на занятті, він має попередити викладача заздалегідь або надати документ, який засвідчує поважну причину пропуску заняття.

- *правила поведінки на заняттях (активність, підготовка коротких доповідей чи текстів, відключення телефонів, використання засобів зв'язку для пошуку інформації на гугл-диску викладача чи в інтернеті тощо);*

На аудиторних заняттях студент має поважати викладача та дисципліну, що він слухає;

Виконувати елементарні правила та норми поведінки;

Протягом заняття забороняється користуватися мобільними телефонами, окрім екстрених випадків.

- *правила захисту лабораторних робіт;*
- *правила захисту індивідуальних завдань;*

Захист індивідуального завдання проходить у вигляді доповіді (до 15 хв) з показом презентації в чітко обговорені викладачем терміни. Термін залежить від кількості студентів в групі, оскільки протягом одного аудиторного заняття може захиститися 5 студентів. Доповідач має бути готовим відповідати на питання викладача та своїх колег. Презентація оформлюється згідно стандартних вимог до наукових доповідей. Текст подається чітко, обґрунтовано. Зображення взяті з літературних джерел в своїй назві мають містити відповідне посилання. Бажано використовувати світлий, однотонний фон слайдів.

- *правила призначення заохочувальних та штрафних балів;*

Заохочувальні бали здобувач вищої освіти отримує за поставлені ним запитання доповідачу під час захисту індивідуального завдання (по 0,5 бали за запитання).

- *політика дедлайнів та перескладань;*

Термін здачі кожного виду роботи обговорюється на занятті під час видачі завдання та залежить від типу роботи.

- *політика щодо академічної доброчесності;*

Дотримання політики щодо академічної доброчесності проводиться згідно діючих законодавчих актів.

- *інші вимоги, що не суперечать законодавству України та нормативним документам Університету.*

## 8. Види контролю та рейтингова система оцінювання результатів навчання (PCO)

Протягом семестру студенти виконують запропоновані практичні роботи, які захищають написанням експрес-контролю. Експрес-контроль має вигляд тесту на платформі MOODLE, що складається з 10 питань або задач, при вирішенні якої студент має показати свою здатність засвоїти та використовувати пройдені на лекціях алгоритми. Також обов'язковим завданням є написання реферату та його захист (доповідь з презентацією). В кінці семестру студент має показати всі засвоєні ним знання та навички при написанні модульної контрольної роботи. Метою контрольної роботи є проведення контролю якості засвоєного студентами матеріалу та внесення відповідних коректив у проходження учбового процесу за результатами написання контрольної роботи. Контрольна робота представляє собою перелік теоретичних питань та задач з усіх чотирьох тем. В процесі написання контрольної роботи студент повинен показати всі отримані та засвоєні знання та мати можливість відповідати як на конкретні теоретичні питання, так і вирішувати творчі завдання.

Варіанти питань контрольної роботи з дисципліни «Основи біоінформатики» представлено у Додатку 2.

Курс навчальної дисципліни «Основи біоінформатики» включає в себе:

- 18 лекційних занять;
- 18 практичних занять;
- реферат.

Семестрова атестація проводиться у вигляді письмового заліку. Для того, що б бути допущеним до складання заліку, студент має позитивно захистити реферат, написати 8 експрес-контролів та здати всі практичні завдання. Мінімальна кількість балів становить 60. Для оцінювання результатів навчання застосовується 100-бальна рейтингова система і університетська шкала.

Оцінювання рівня знань з дисципліни «Основи біоінформатики» для студентів денної форми навчання пропонується проводити за рейтинговою системою, умови якої наведено в положенні про РСО з дисципліни в робочій навчальній програмі.

100 балів можна отримати за:

- практичні заняття: 50 балів;
- Реферат та захист: 25 балів;
- МКР: 25 балів.

Детально РСО розписано в Додатку 3.

*Вказуються всі види контролю та бали за кожен елемент контролю, наприклад:*

*Поточний контроль: експрес-тести, МКР та захист індивідуального завдання.*

*Календарний контроль: провадиться двічі на семестр як моніторинг поточного стану виконання вимог силабусу.*

*Семестровий контроль: Залік*

*Умови допуску до семестрового контролю: мінімально позитивна оцінка за індивідуальне завдання /зарахування усіх лабораторних робіт/ семестровий рейтинг більше 60 балів. Залік може бути автоматом, тому розписати коли і що відбувається, якщо студент хо підвищити оцінку і в якому випадку залік обов'язковий*

## 9. Додаткова інформація з дисципліни (освітнього компонента)

- *перелік питань, які виносяться на семестровий контроль (наприклад, як додаток до силабусу);*
- *можливість зарахування сертифікатів проходження дистанційних чи онлайн курсів за відповідною тематикою;*
- *інша інформація для студентів/аспірантів щодо особливостей опанування навчальної дисципліни.*

Додаток 1

### Орієнтовний перелік тем рефератів

1. Використання наночастинок магнетиту для ремедіації ґрунтів, забруднених важкими металами та органічними речовинами.
2. Біотехнологічні методи очищення води, забрудненої важкими металами.
3. Вплив наночастинок оксиду заліза на розвиток та життєдіяльність рослин.
4. Токсичний вплив важких металів на структуру та функціонування живої клітини.
5. Використання мікробних поверхнево-активних речовин у біоремедіації довкілля від важких металів.
6. Експериментальні методи виявлення важких металів у рослинах і ґрунтах.
7. Вплив характеристик ґрунту (хімічних, мікробіологічних, сорбційних, рН та інше.) на поглинання рослинами важких металів.
8. Стрес важких металів у рослинах.

9. Роль фітохелатинів та металотіоїнів у адаптації рослин до важких металів при фітоекстракції.
10. Механізми адаптації рослин до токсичної дії важких металів.
11. Фіто- та ризодеградація як метод використання рослин при очищенні ґрунту від забруднення органічними речовинами.
12. Біотехнологія видобутку металів: використання мікробів у біогідрометалургії.
13. Біотехнологія біодизелю на основі культури тютюну.
14. Фактори, які впливають на накопичення олії в насінні рапсу
15. Альтернативні джерела рослинної сировини для виробництва біопалива
16. Використання *Chlamydomonas reinhardtii* для виробництва біопалива та біопродуктів
17. Мікроорганізми Антарктиди
18. Мікрофлора українських ґрунтів (студент обирає один тип ґрунту)
19. Відповідь рослини на дію магнітних наноксидів металів
20. Транспорт поживних речовин в корені *Helianthus annuus L.* під впливом магнетиту та маггеміту
21. Вплив наночастинок магнітного оксиду заліза ( $Fe_3O_4$ ) на ріст та вміст фотосинтезуючого пігменту *Picochlorum sp.*

## Додаток 2

### Питання до контрольної роботи з курсу «Основи біоінформатики»

1. Визначення поняття біоінформатика.
2. Предмет біоінформатики.
3. Цілі біоінформатики.
4. Мета програми «Геном людини».
5. Коли стартувала програми «Геном людини» та основні її досягнення?
6. Коли використовується алгоритм локального вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
7. Коли використовується алгоритм глобального вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
8. Коли використовується алгоритм псевдоглобального вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
9. Коли використовується алгоритм швидкого вирівнювання для порівняння двох послідовностей?
10. Що означає кожна комірка матриці ваг префіксів  $a(i,j)$ ?
11. Основна ідея алгоритмів динамічного програмування?
12. Оцінка статистичної значимості вирівнювання двох послідовностей?
13. Бази даних (загальне визначення) і біоінформаційні БД. В яких областях молекулярної біології застосовують БД.
14. Історія виникнення БД. Найбільш відомі організації - куратори БД і створені ними банки даних.
15. Класифікація БД. Наведіть приклади.
16. Основні операції, що виконуються в БД. Типовий запис реляційно побудованої БД.
17. БД (ресурси) нуклеїнових кислот, білків, 3D-структур.
18. Програмні ресурси, що застосовуються в БД і їх функції.
19. Суперкомп'ютери і GRID-системи. Визначення: розповсюджені, найбільш коректне. Поясніть кожне з формулювань.
20. Які методи використовуються для вирівнювання 2-х послідовностей, коли і ким ці методи були розроблені?



21. Точкова матриця. Як її отримують, в яких випадках використовують, її основні переваги.
22. Вирівняти методом точкової матриці *E. coli*(EcoRI):
23. Що таке паліндроми, яким методом можна виявити паліндроми, навести приклад.
24. Яким методом порівняння послідовностей легко виявити самокомплементарні РНК? Основна ідея методу.
25. Коли використовується алгоритм загальної функції штрафу для порівняння двох послідовностей?
26. Алгоритм загальної функції штрафу.
27. Вирівняти послідовності з використанням загальної функції штрафів
28. Ініціалізація масиву ваг префіксів  $a(i,j)$ ;  $b(i,j)$ ;  $c(i,j)$  при використанні загальної функції штрафу.
29. Рекурентна формула для глобального вирівнювання двох послідовностей.
30. Рекурентна формула для локального вирівнювання двох послідовностей.
31. Рекурентна формула для псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей
32. Рекурентна формула для загальної функції штрафу.
33. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для глобального вирівнювання двох послідовностей.
34. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для локального вирівнювання двох послідовностей.
35. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей.
36. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для загальної функції штрафу
37. Визначення матриці PAM.
38. Недоліки матриці PAM, порівняння з матрицею BLOSUM.
39. Які параметри використовуються для розрахунку матриці PAM?
40. Властивості матриці PAM.
41. Що означають числа після назви матриць: PAMX, BLOSUMX, чому може дорівнювати X?
42. Як розрахувати матрицю PAM за  $k$  еволюційних періодів?
43. Розрахунок вагової матриці PAM  $S$ ; порівняння матриці замін  $M$  і матриці ваг  $S$ .
44. Чому вагова матриця PAM ( $S$ ) є симетричною?
45. Чому для порівняння амінокислотних послідовностей використовуються матриці PAM і BLOSUM? Хто і коли запропонував розрахунок цих матриць, чим вони відрізняються?
46. Алгоритм розрахунку матриці PAM.
47. Методи отримання випадкових послідовностей.
48. Алгоритм хешування, в яких програмах він використовується?
49. Сформулювати хеш-таблицю для дослідження послідовності (довжина слова 4).

### Додаток 3

#### Рейтингова система оцінювання результатів навчання студентів з кредитного модуля «Основи біоінформатики»

1. Рейтинг студента з кредитного модуля складається з балів, що він отримує за:  
виконання та захист **18 практичних робіт**;  
написання модульної контрольної роботи;

написання та захист реферату.

2. Критерії нарахування балів.

Практичні роботи. Максимальна кількість балів за всі практичні роботи дорівнює 50 балів.

Робота на практичних заняттях оцінюється за написанням експрес-контролів (10 питань).

6 експрес-контролі оцінюються в 5 балів;

2 експрес-контроля оцінюються у 10 балів. Розписати критерії за що яка оцінка ставиться

2.2 Реферат оцінюється із 25 балів за такими критеріями:

- «відмінно» – творчий підхід до розкриття проблеми – 23-25 балів;
- «добре» – глибоке розкриття проблеми, відображена власна позиція – 18-22 балів;
- «задовільно» – обґрунтоване розкриття проблеми з певними недоліками – 15-17 бали;
- «незадовільно» – завдання не виконане – 0 балів.

Якщо реферат написано, але не захищено здобувач отримує до 50% балів від загальної оцінки.

За кожний тиждень затримки із поданням реферату нараховуються штрафні – 2 бали (усього не більше – 8 балів). Наявність позитивної оцінки з реферату є умовою допуску до залікової контрольної роботи.

2.3 Написання модульної контрольної роботи. Максимальна кількість балів за модульну контрольну роботу 25 балів.

Модульна контрольна робота складається з 4 теоретичних питань та однієї задачі.

Максимальна кількість балів за одне теоретичне питання дорівнює 5 балів:

повну правильну відповідь студент отримує – 5 балів;

за правильну відповідь з незначними неточностями студент отримує – 4 бали;

за правильну відповідь, але є деякі неточності студент отримує – 3 бали;

за відповідь, в якій є суттєві неточності студент отримує – 2 бали;

за неправильну відповідь студент отримує 0 балів. 60% від максимуму

Максимальна кількість балів за вирішення задачі 5 балів.

2.4 Штрафні та заохочувальні бали за:

- не допуск до практичних робіт у зв'язку з незадовільним вхідним контролем – 1 бал;
- участь у модернізації лабораторних робіт; виконання завдань із удосконалення дидактичних матеріалів з дисципліни надається від 1 до 5 заохочувальних балів.

2.5 Залікова контрольна робота оцінюється у 100 балів. Контрольне завдання цієї роботи складається з чотирьох запитань з переліку, що наданий у додатку до робочої програми КМ та 1 задачі.

Кожне запитання оцінюється з 20 балів за такими критеріями:

«відмінно» – повна відповідь (не менше 90% потрібної інформації), надані відповідні обґрунтування та особистий погляд – 20-18 балів;

«добре» – достатньо повна відповідь (не менше 75% потрібної інформації), що виконана згідно з вимогами до рівня «умінь», або незначні неточності) – 17-16 балів;

«задовільно» – неповна відповідь (не менше 60% потрібної інформації, що виконана згідно з вимогами до «стереотипного» рівня та деякі помилки) – 15-13 балів;

«незадовільно» – незадовільна відповідь – 0 балів.

3. Умовою позитивної першої атестації є отримання не менше 15 балів, другої атестації – отримання не менше 45 балів за умови зарахування реферату.

4. Сума рейтингових балів, отриманих студентом протягом семестру, за умови зарахування реферату, переводиться до підсумкової оцінки згідно з таблицею (п.6). Якщо сума балів менша за 60, але реферату зараховано, студент виконує залікову контрольну роботу.

5. Студент, який у семестрі отримав більше 60 балів, але бажає підвищити свій результат, може взяти участь у заліковій контрольній роботі. У цьому разі остаточний результат складається із балів, що отримані на заліковій контрольній роботі та балів з ДКР. ДКР не має потрібно розписати скільки максимум, скільки питань, критерії оцінювання

6. Таблиця переведення рейтингових балів до оцінок:

Бали	Оцінка
100...95	Відмінно
94...85	Дуже добре
84...75	Добре
74...65	Задовільно
64...60	Достатньо
Менше 60	Незадовільно
ДКР не зараховано	Не допущено

кінцівка