



## ОСНОВИ БІОІНФОРМАТИКИ, ГЕНОМІКИ ТА ПРОТЕЇНОМІКИ

### Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

#### Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	<i>Перший (освітній)</i>
Галузь знань	16 – Хімічна та біоінженерія
Спеціальність	163 – Біомедична інженерія
Освітня програма	Регенеративна та біофармацевтична інженерія
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	<i>Лекції: 1,5 год на тиждень; Практичні: 1,5 год на тиждень згідно розкладу</i>
Мова викладання	Українська
Інформація про керівника курсу / викладачів	Лектор: к.т.н., Дем'яненко Ірина Володимирівна, <a href="mailto:iryna.demjanenko@gmail.com">iryna.demjanenko@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	Код доступу qqqr65q до Google Classroom на платформі Сікорський

#### Програма навчальної дисципліни

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

«Основи біоінформатики, геноміки та протеїноміки» вивчає застосування сучасних інформаційних та обчислюваних технологій у молекулярній біології для аналізу і систематизації біологічних даних, моделювання процесів, що відбуваються на молекулярному рівні. Її метою є виявлення структури, функцій та взаємодії біомакромолекул (ДНК, РНК, білків) і подальше використання цих знань при створенні нових препаратів для лікування, діагностики та профілактики, наноматеріалів і приладів для діагностики і лікування людини, а також отримання організмів з наперед заданими властивостями. До першочергових задач біоінформатики потрібно віднести такі, як аналіз геномів, виділення з їх складу окремих генів, їх екзон-інтронної структури, сигнальних послідовностей, передбачення функцій генів і експресованих ними продуктів, виявлення генів – потенційних мішеней дії нових ліків, оцінка ролі окремих складових амінокислотної послідовності у функціонуванні білка, побудова молекулярних моделей білків і нуклеїнових кислот, виходячи з їх послідовностей, дослідження механізму функціонування макромолекул, виходячи з їх молекулярних моделей, комп'ютерне конструювання ліків, засноване на раціональному виборі генів-мішеней і молекулярних моделей їх білкових продуктів.

З огляду на це, дисципліна «Основи біоінформатики, геноміки та протеїноміки» безперечно, є важливою та актуальною для підготовки сучасних спеціалістів у біотехнології фармацевтичних препаратів.

Метою навчальної дисципліни є формування у студентів здатність застосовувати пакети інженерного програмного забезпечення для проведення досліджень, аналізу, обробки та представлення результатів, а також для автоматизованого проектування медичних приладів та систем; оцінювати та забезпечувати якість виконуваних робіт; вивчати та застосовувати нові методи та інструменти аналізу, моделювання, проектування та оптимізації медичних приладів та систем.

Програмні результати навчання:

- Вміти використовувати бази даних, математичне і програмне забезпечення для обробки даних та комп'ютерного моделювання біологічних і біотехнічних систем;
- Вміти аналізувати сигнали, які передаються від органів на прилади, та проводити обробку діагностичної інформації;
- Організації та принципів функціонування біологічних об'єктів та окремих їх частин в умовах *in vivo* та *in vitro*, а також методів їх вивчення (оцінки) (біологічних, хімічних, фізичних, математичних)

## 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: «Основи інформатики», «Основи мікробіології і вірусології», «Біотехнологія та біоінженерія», а також базовий рівень володіння англійською мовою не нижче А2. У структурно-логічній площині програми підготовки бакалаврів з медичної біоінженерії 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.

Тема 2. Основні алгоритми біоінформатики

Лекція 2. Глобальне вирівнювання двох послідовностей

Лекція 3. Локальне та псевдоглобальне вирівнювання двох нуклеотидних послідовностей.

Лекція 4. Хешування.

Лекція 5. Матриці амінокислотних замінів.

Лекція 6. Множинне вирівнювання.

Тема 3. Біоінформаційні бази даних.

Лекція 7. Поняття про бази даних: їх структура, класифікація.

Лекція 8. Бази даних ДНК, РНК, білків.

Лекція 9. Біомедичні бази даних

Тема 4. Геноміка та протеоміка

Лекція 10. Геноміка

Лекція 11. Протеоміка

Тема 4. Новітні застосування біоінформатики.

Лекція 12. Суперкомп'ютер

Лекція 13. ДНК-мікрочіпи

Лекція 14. Молекулярне моделювання.

## 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>

#### Додаткова

1. Babintseva L. Y., Krasnov V. V. НОВІ НАПРЯМИ БІОМЕДИЧНОЇ ІНФОРМАТИКИ В СТРАТЕГІЇ ЗМІНЕННЯ ПРАКТИЧНОЇ МЕДИЦИНИ ТА БІОМЕДИЧНОЇ ОСВІТИ. ПРЕЦИЗИЙНА МЕДИЦИНА ТА БІОІНФОРМАТИКА ЗБУДНИКА ЗАПАЛЕННЯ //Medical Informatics and Engineering. – 2021. – №. 1. – С. 31-35.
2. Осташ Б. Біоінформатика: аналіз генетичних послідовностей//Національний університет імені Івана Франка. – 2022.-с.234
3. Vaxevanis A. D., Bader G. D., Wishart D. S. (ed.). Bioinformatics. //John Wiley & Sons. – 2020. – 656 p.

#### Інформаційні ресурси

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
2. <https://www.uniprot.org/>
3. <https://foodb.ca/>
4. <https://go.drugbank.com/>
5. <https://www.python.org/>

#### Навчальний контент

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

№	Тема 1. Становлення біоінформатики
1	<p><b>Лекція 1.</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: [1,3]</p>
	Тема 2. Основні алгоритми біоінформатики
2	<p><b>Лекція 2.</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]</p>
3	<p><b>Лекція 3.</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>

	Література базова: [1]
4	<b>Лекція 4.</b> Хешування. Використання хеш-таблиці для пошуку співпадінь по списку слів. Література базова: [1].
5	<b>Лекція 5.</b> Матриці амінокислотних замінів. 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. Література базова: [1,3].
6	<b>Лекція 6.</b> Множинне вирівнювання. Множинне вирівнювання. Вага множинного вирівнювання. Узагальнене динамічне програмування. Література базова: [1].
	<i>Тема 3. Біоінформаційні бази даних</i>
7	<b>Лекція 7.</b> Поняття про бази даних: їх структура, класифікація.  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.  Література: базова [5], додаткова [3].
8	<b>Лекція 8.</b> Бази даних ДНК, РНК, білків, біодеградації та метаболічних шляхів. Спеціалізовані бази даних. Бази даних з біології людини.  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.  Література: базова [5], додаткова [3].
9	<b>Лекція 9.</b> Біомедичні бази даних. Загальна характеристика баз даних медичного призначення. Література: базова [5], додаткова [3].
	<i>Тема 4. Геноміка та протеоміка</i>
10	<b>Лекція 10.</b> Геноміка Основні поняття геноміки. Види геноміки. Практичне застосування генетичних знань Література базова: [1,5], додаткова [2]
11	<b>Лекція 11.</b> Протеоміка Основні поняття протеоміки. Протеом. Методи дослідження протеому. Література базова: [1,5], додаткова [2]
	<i>Тема 4. Новітні застосування біоінформатики</i>
12	<b>Лекція 12.</b> Суперкомп'ютер. Поняття суперкомп'ютер. Рейтинг суперкомп'ютерів світу. GRID-системи Література базова: [3]
13	<b>Лекція 13.</b> ДНК-мікрочіпи. Поняття ДНК-мікрочіпів. Методи виробництва ДНК-мікрочіпів. Білкові мікрочіпи. Література базова: [1,5]
14	<b>Лекція 14.</b> Молекулярне моделювання.

	<p>Поняття молекулярного моделювання. Історія виникнення методу. Практичне застосування методів молекулярної моделювання.</p> <p>Література базова: [1,5]</p>
--	---

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><b>Практична робота 1.</b></p> <p>Робота в NCBI. Пошук та аналіз літератури. Робота з переліком літератури в програмі Менделей.</p> <p>Література базова: [1]</p>
2.	<p><b>Практична робота 2.</b></p> <p>Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму глобального вирівнювання.</p> <p>Література базова: [4]</p>
3.	<p><b>Практична робота 3.</b></p> <p>Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму локального та псевдоглобального вирівнювання.</p>
4.	<p><b>Практична робота 4.</b></p> <p>Вирішення біоінформаційних задач за допомогою алгоритму хешування.</p> <p>Література базова: [4].</p>
5.	<p><b>Практична робота 5.</b></p> <p>Пошук гомологів білків за допомогою програми BLAST NCBI.</p> <p>Література базова: [1,4].</p>
6.	<p><b>Практична робота 6.</b></p> <p>Множинне вирівнювання білків в Clustel Omega</p> <p>Література базова: [4].</p>
7.	<p><b>Практична робота 7.</b></p> <p>Робота в базі даних UniProt</p> <p>Інформаційні джерела: [2].</p>
8.	<p><b>Практична робота 8.</b></p> <p>Вирівнювання 3D структур білків за допомогою інструментів NCBI.</p> <p>Інформаційні джерела: [1].</p>
9.	<p><b>Практична робота 9.</b></p> <p>Робота в базі даних FooDB/ DrugBank</p> <p>Інформаційні джерела: [3,4].</p>
10.	<p><b>Практична робота 10</b></p> <p>БіоPython, як основний інструмент біоінформатика</p> <p>Інформаційні джерела: [5].</p>
11.	<p><b>Практична робота 11.</b></p> <p>БіоPython, як основний інструмент біоінформатика</p> <p>Інформаційні джерела: [5].</p>
12.	<p><b>Практична робота 12.</b> МКР</p>
13.	<p><b>Практична робота 13.</b> Залік</p>

## 6. Самостійна робота студента/аспіранта

Самостійна робота студента по дисципліні включає підготовку до аудиторних занять (38 годин), написання модульної контрольної (4 години), підготовка до заліку (6 годин), та самостійне вивчення деяких розділів (18 годин).

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

№	СРС	Кількість годин
1	Ознайомлення з історичним розвитком біоінформатики, як точки перетину багатьох наук. Література: додаткова [2,3]	6
2	Ознайомлення з WEB-сторінками основних ББД, їх структурою, класифікацією за способом заповнення, анотування. Література: додаткова [3]	6
3	Дати характеристику українським науково-дослідним інститутам, які займаються біоінформатикою. Література: додаткова [1]	6

*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, геноміки та протеїноміки» 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, геноміки та протеїноміки» 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);*  
Відвідування лекцій, практичних занять та лабораторних робіт, а також відсутність на них, не оцінюються. Однак, студентам рекомендується відвідувати заняття, оскільки на них викладається теоретичний матеріал та розвиваються навички, необхідні для формування компетентностей, визначених стандартом освіти. Система оцінювання орієнтована на отримання балів за активність студента, а також виконання завдань, які здатні розвинути практичні уміння та навички. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, працевлаштування, міжнародне стажування тощо) навчання може відбуватися в он-лайн формі за погодженням із керівником курсу.
- *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. Норми етичної поведінки студентів і працівників визначені у розділі 2 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: <https://kpi.ua/code>.

- *правила призначення заохочувальних та штрафних балів;*  
не передбачено РСО
- *політика дедлайнів та перескладань;*  
Термін здачі кожного виду роботи обговорюється на занятті під час видачі завдання та залежить від типу роботи. Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання тем (модулів) відбувається за наявності поважних причин.
- *політика щодо академічної доброчесності;*  
визначені у розділі 3 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: <https://kpi.ua/code>. Використання додаткових джерел інформації під час оцінювання знань заборонено (у т.ч. мобільних девайсів). Мобільні пристрої дозволяється використовувати лише під час он-лайн тестування та виконання розрахунків.  
*інші вимоги, що не суперечать законодавству України та нормативним документам Університету.*

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

**Поточний контроль:** виконання практичних робіт (66 балів) та МКР(34 балів). Докладніша інформація щодо поточного контролю та критеріїв оцінювання наведена в РСО з дисципліни. (Додаток 1).

**Календарний контроль:** У весняному семестрі не має цього контролю.

**Семестровий контроль:** залік. Загальна сума балів на заліку – 100 балів. Докладніша інформація щодо проведення та оцінювання наведена в РСО з дисципліни.

**Умови допуску до семестрового контролю:** семестровий рейтинг не нижче 50 балів, написання МКР та захист усіх практичних робіт.

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

##### Додаток 1

**Система рейтингових (вагових) балів занять і рейтингових оцінок по видах контролю за рік**

№ п/п	Вид контролю	Бал	Кількість	Сума балів
1	Виконання практичних робіт			
	- ваговий бал $r_k$ *	6	11	66
	-якість виконання	0-6		
2.	Модульна контрольна робота			
	-ваговий бал $r_k$	34	1	34
	- якість виконання**	0-34		
3.				100

\* - Якість виконання практичних робіт:

бездоганна робота

– 6 балів;

є певні недоліки у підготовці та/або виконанні роботи

– 5-5,5 бали;

є суттєві недоліки у підготовці та/або виконанні роботи

– 4-4,5 бали;

Робота не виконана або не захищена

– 0-3,5 балів.

\*\* - Якість виконання модульної контрольної роботи. :

Модульна контрольна робота складається з 17 тестових питань представлених в GoogleClass.

вірна відповідь – 2 бали;  
не вірна відповідь – 0 балів;

робота зарахована – 20 - 34 балів;  
робота не зарахована – 0 -19 балів.

### Розрахунок шкали (R) рейтингу

Сума вагових балів контрольних заходів протягом семестру складає:

$$R = 66+34 = 100 \text{ балів};$$

Рейтингова шкала з дисципліни складає  $R = 100$  балів;

Необхідною умовою для одержання заліку автоматом є зарахування усіх пропозицій, що виносяться на обговорення виконання на позитивну оцінку модульної контрольної роботи та загальний рейтинг більше 60 балів. Для підвищення оцінки проводиться залікова робота. Попередній рейтинг анулюється.

**Календарний контроль:** проводиться в кінці семестру.

Підсумкова оцінка якості знань з дисципліни визначаються за традиційною 6-рівневою шкалою на базі індивідуальних поточних оцінок за такою шкалою:

Рейтинг	Традиційна оцінка
$95 \leq R < 100$	Відмінно
$85 \leq R < 95$	Дуже добре
$75 \leq R < 85$	Добре
$65 \leq R < 75$	Задовільно
$60 \leq R < 65$	Достатньо
$R < 60$	Незадовільно

**Семестровий контроль:** залік. Загальна сума балів заліку – 100 балів. Умови допуску до семестрового контролю: семестровий рейтинг не менше 50 балів, написання МКР та виконання практичних робіт.

Заліковий білет складається з 10 питань, 1 питання оцінюється у 10 балів.

Повна відповідь на питання – (10) балів

Зроблені незначні помилки – (8-9) балів

Суттєві помилки у відповіді – (7-6) балів

Відповіді не вірні – (0-5) бали.

Таблиця відповідності рейтингових балів оцінкам за університетською шкалою:

Кількість балів	Оцінка
100-95	Відмінно
94-85	Дуже добре
84-75	Добре
74-65	Задовільно
64-60	Достатньо
Менше 60	Незадовільно

Додаток 1

### Питання до контрольної роботи з курсу «Основи біоінформатики, геноміки та протеїноміки»

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. Що означає кожна комірка матриці ваг префіксів  $a(i,j)$ ?
10. Основна ідея алгоритмів динамічного програмування?
11. Бази даних (загальне визначення) і біоінформаційні БД. В яких областях молекулярної біології застосовують БІБД.
12. Історія виникнення БІБД. Найбільш відомі організації - куратори БІБД і створені ними банки даних.
13. Класифікація БІБД. Наведіть приклади.
14. Основні операції, що виконуються в БІБД. Типовий запис реляційно побудованої БІБД.
15. БІБД (ресурси) нуклеїнових кислот, білків, 3D-структур.
16. Програмні ресурси, що застосовуються в БІБД і їх функції.
17. Суперкомп'ютери і GRID-системи. Визначення: розповсюджені, найбільш коректне. Поясніть кожне з формулювань.
18. Які методи використовуються для вирівнювання 2-х послідовностей, коли і ким ці методи були розроблені?
19. Рекурентна формула для глобального вирівнювання двох послідовностей.
20. Рекурентна формула для локального вирівнювання двох послідовностей.
21. Рекурентна формула для псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей
22. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для глобального вирівнювання двох послідовностей.
23. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для локального вирівнювання двох послідовностей.
24. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей.
25. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для загальної функції штрафу
26. Визначення матриці PAM.
27. Недоліки матриці PAM, порівняння з матрицею BLOSUM.
28. Які параметри використовуються для розрахунку матриці PAM?
29. Властивості матриці PAM.
30. Що означають числа після назви матриць: PAMX, BLOSUMX, чому може дорівнювати X?
31. Як розрахувати матрицю PAM за k еволюційних періодів?
32. Розрахунок вагової матриці PAM S; порівняння матриці замін M і матриці ваг S.
33. Чому вагова матриця PAM (S) є симетричною?
34. Чому для порівняння амінокислотних послідовностей використовуються матриці PAM і BLOSUM? Хто і коли запропонував розрахунок цих матриць, чим вони відрізняються?
35. Алгоритм розрахунку матриці PAM.
36. Методи отримання випадкових послідовностей.
37. Алгоритм хешування, в яких програмах він використовується?
38. Сформувати хеш-таблицю для дослідження послідовності (довжина слова 4).
39. Що таке ДНК-мікрочіпи?
40. Методи виробництва ДНК-мікрочіпів.
41. Білкові мікрочіпи.
42. Загальна характеристика БІБД.

#### **Питання до залікової роботи з курсу «Основи біоінформатики, геноміки та протеїноміки»**

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. Що означає кожна комірка матриці ваг префіксів  $a(i,j)$ ?
10. Основна ідея алгоритмів динамічного програмування?
11. Бази даних (загальне визначення) і біоінформаційні БД. В яких областях молекулярної біології застосовують БІБД.
12. Історія виникнення БІБД. Найбільш відомі організації - куратори БІБД і створені ними банки даних.
13. Класифікація БІБД. Наведіть приклади.
14. Основні операції, що виконуються в БІБД. Типовий запис реляційно побудованої БІБД.
15. БІБД (ресурси) нуклеїнових кислот, білків, 3D-структур.
16. Програмні ресурси, що застосовуються в БІБД і їх функції.
17. Суперкомп'ютери і GRID-системи. Визначення: розповсюджені, найбільш коректне. Поясніть кожне з формулювань.
18. Які методи використовуються для вирівнювання 2-х послідовностей, коли і ким ці методи були розроблені?
19. Рекурентна формула для глобального вирівнювання двох послідовностей.
20. Рекурентна формула для локального вирівнювання двох послідовностей.
21. Рекурентна формула для псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей.
22. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для глобального вирівнювання двох послідовностей.
23. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для локального вирівнювання двох послідовностей.
24. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для псевдоглобального вирівнювання двох послідовностей.
25. Ініціалізувати нульовий стовпчик та нульову строку для загальної функції штрафу.
26. Визначення матриці PAM.
27. Недоліки матриці PAM, порівняння з матрицею BLOSUM.
28. Які параметри використовуються для розрахунку матриці PAM?
29. Властивості матриці PAM.
30. Що означають числа після назви матриць: PAMX, BLOSUMX, чому може дорівнювати X?
31. Як розрахувати матрицю PAM за k еволюційних періодів?
32. Розрахунок вагової матриці PAM S; порівняння матриці замін M і матриці ваг S.
33. Чому вагова матриця PAM (S) є симетричною?
34. Чому для порівняння амінокислотних послідовностей використовуються матриці PAM і BLOSUM? Хто і коли запропонував розрахунок цих матриць, чим вони відрізняються?
35. Алгоритм розрахунку матриці PAM.
36. Методи отримання випадкових послідовностей.
37. Алгоритм хешування, в яких програмах він використовується?
38. Сформувати хеш-таблицю для дослідження послідовності (довжина слова 4).
39. Що таке ДНК-мікрочіпи?
40. Методи виробництва ДНК-мікрочіпів.
41. Білкові мікрочіпи.
42. Загальна характеристика БІБД.

#### **Робочу програму навчальної дисципліни (силабус):**

**Складено:** асистент кафедри біоенергетики, біоінформатики та екобіотехнології, к.т.н. Дем'яненко І.В.

**Ухвалено** кафедрою біоенергетики, біоінформатики та екобіотехнології ФБТ (протокол № 15 від 29.06.22)

**Погоджено** Методичною комісією факультету біотехнології і біотехніки (протокол № 9 від 30.06.22р.)