



ОСНОВИ БІОІНФОРМАТИКИ

Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

| | |
|---|---|
| Рівень вищої освіти | <i>Перший (освітній)</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 | 3 курс, осінній семестр |
| Обсяг дисципліни | Загальна кількість 120 год. |
| Семестровий контроль/ контрольні заходи | Залік/МКР |
| Розклад занять | <i>Лекції: 1,5 год./тиждень; практичні: 1,5 год./тиждень згідно розкладу семестр скорочений</i> |
| Мова викладання | Українська |
| Інформація про керівника курсу / викладачів | Лектор: к.т.н., Дем'яненко Ірина Володимирівна, iryna.demjanenko@gmail.com Практичні: к.т.н., Дем'яненко Ірина Володимирівна, iryna.demjanenko@gmail.com |
| Розміщення курсу | Код доступу vkgkxk3 до Google Classroom на платформі Сікорський |

Програма навчальної дисципліни

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

Біоінформатика 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 лікарських препаратів, 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» безперечно, є важливою та актуальною для підготовки сучасних спеціалістів біотехнологів.

Метою навчальної дисципліни є формування у студентів здатностей: використання інформаційних і комунікаційних технологій; вчитися і оволодівати сучасними знаннями; комплексно аналізувати біологічні та біотехнологічні процеси на молекулярному та клітинному рівнях; 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

Програмні результати навчання:

- Вміти виділяти з природних субстратів та ідентифікувати мікроорганізми різних систематичних груп. Визначати морфолого-культуральні та фізіолого-біохімічні властивості різних біологічних агентів;
- Вміти здійснювати базові генетичні та цитологічні дослідження з вдосконалення і підвищення біосинтетичної здатності біологічних агентів з урахуванням принципів біобезпеки, біозахисту та біоетики (індукований мутагенез з використанням фізичних і хімічних мутагенних факторів, відбір та накопичення ауксотрофних мутантів, перенесення генетичної інформації тощо).
- Вміти обґрунтувати вибір біологічного агента, складу поживного середовища і способу культивування, необхідних допоміжних робіт та основних стадій технологічного процесу;
- 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, що вивчалися на попередніх семестрах: «Інформаційні технології», «Генетика», 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.

Вивчення дисципліни допоможе студентам при написанні дипломної роботи (проекту).

3. Зміст навчальної дисципліни

Надається перелік розділів і тем всієї дисципліни.

Тема 1. Основні алгоритми біоінформатики

Лекція 1. Вступ та історія біоінформатики

Лекція 2. Вирівнювання послідовностей

Лекція 3. Множинне вирівнювання

Лекція 4. Визначення значимості вирівнювання

Лекція 5. Філогенетичні дерева

Лекція 6. Передбачення вторинної структури РНК

Тема 2. Практичне застосування біоінформатики

Лекція 7. Програмні засоби візуалізації 3D структури білків

Лекція 8. Структурне вирівнювання. Основи структурного вирівнювання. Програма VAST, розрахунок RMSD

Лекція 9. Суперкомп'ютер

Лекція 10. ДНК-мікрочіпи

Лекція 11. Молекулярне моделювання

Лекція 12. Ланцюги Маркова та приховані марковські моделі. Алгоритм Віттербі

Лекція 13. Визначення бази даних, методи пошуку

Лекція 14. Загальні характеристики основних біологічних баз даних

4. Навчальні матеріали та ресурси

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

2. <https://www.uniprot.org/>
3. <https://www.genome.jp/kegg/>
4. <https://biocyc.org/>

Навчальний контент

5. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

| 1 | 2 |
|----|--|
| | <i>Тема 1. Основні алгоритми біоінформатики</i> |
| 1 | Лекція 1. Вступ та історія біоінформатики Предмет, задачі біоінформатики. Історія становлення біоінформатики як науки. Література базова: [1,3] |
| 2 | Лекція 2. Вирівнювання послідовностей Алгоритм глобального та локального вирівнювань. Порівняння їх. Література базова: [1,3] |
| 3 | Лекція 3. Множинне вирівнювання Множинне вирівнювання. Вага множинного вирівнювання. Узагальнене динамічне програмування. Література базова: [1,3]. |
| 4 | Лекція 4. Визначення значимості вирівнювань. Параметри, якими визначається статистична значимість вирівнювання. Розрахунок статистичної значимості вирівнювання Література: базова[1,3] |
| 5 | Лекція 5. Філогенетичні дерева Філогенетичні дерева. Основні алгоритми побудови філогенетичних дерев. Література: базова [1,4] |
| 6 | Лекція 6. Передбачення вторинної структури РНК Рибонуклеїнові кислоти. Методи передбачення вторинної структури РНК. Еволюція і ентропія. Література: базова [1,3] |
| | <i>Тема 2. Практичне застосування біоінформатики</i> |
| 7 | Лекція 7. Програмні засоби візуалізації 3D структури білків Білки і їх структура. 3D структура білків. Програмні засоби візуалізації 3D структури білків Література: базова[1,4] |
| 8 | Лекція 8. Структурне вирівнювання. Основи структурного вирівнювання. Програма VAST, розрахунок RMSD Література: базова[1,4] |
| 9 | Лекція 9. Суперкомп'ютер Поняття про суперкомп'ютер. Рейтинг суперкомп'ютерів. ТОП100 і ТОП500. Grid-системи. Література: базова[1,4] |
| 10 | Лекція 10. ДНК-мікрочипи Поняття про ДНК-мікрочипи, методи їх виробництва, застосування. Білкові мікрочипи. Література: базова [1,3] |
| 11 | Лекція 11. Молекулярне моделювання |

| | |
|----|--|
| | Поняття молекулярного моделювання. Історія становлення ММ. Методи молекулярного моделювання. Силкові поля. Основні програми для ММ. Література: базова [] |
| 12 | Лекція 12. Ланцюги Маркова та приховані марковські моделі. Алгоритм Віттербі Стратегії передбачення генів. Програми передбачення генів. Стратегії передбачення білків. Практичне значення та застосування алгоритмів. Як знайти CpG острівці всередині послідовності. Література допоміжна: базова [1,5] |
| 13 | Лекція 13. Визначення бази даних, методи пошуку Поняття біологічної бази даних. Класифікація баз даних. Системи пошуку інформації в БД. Література допоміжна: базова [1,5] |
| 14 | Лекція 14. Загальна характеристики основних біологічних баз даних База даних UniProt, база даних KEGG, база даних Віосус, база даних NCBI. Інформаційні джерела: [1-4] |

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. | Практична робота 1 Пошук сайту початку реплікації в геномі методами BioPython Література: базова [2,4] |
| 2. | Практична робота 2 Пошук сайту початку реплікації в геномі методами BioPython (продовження) Література: базова [2,4] |
| 3. | Практична робота 3 Пошук сайту початку реплікації в геномі методами BioPython (продовження) Література: базова [2,4] |
| 4. | Практична робота 4 Множинне вирівнювання білків в різних програмах, таких як BLAST, Clustel. Література: базова [2,4] |
| 5. | Практична робота 5 Побудова філогенетичних дерев за допомогою програми Clustel. Література: базова [4] |
| 6. | Практична робота 6 Побудова філогенетичних дерев за допомогою програми MegaX. Література: базова [4,5] |
| 7. | Практична робота 7 Пошук скритих посилань в геномі методами BioPython Література: базова [4] |
| 8. | Практична робота 8. Пошук скритих посилань в геномі методами BioPython Література: базова [4] |
| 9. | Практична робота 9. Пошук скритих посилань в геномі методами BioPython |

| | |
|-----|---|
| | Література: базова [4] |
| 10. | Практична робота 10. Пошук скритих посилань в геномі методами BioPython Література: базова [4] |
| 11. | Практична робота 11. Програмні засоби візуалізації 3D структури білків. Література: базова [4] |
| 12. | Практична робота 12 Модульна контрольна робота |
| 13. | Практична робота 13 Залік. |

6. Самостійна робота студента/аспіранта

Самостійна робота студента по дисципліні включає підготовку до аудиторних занять (38 годин), написання 3 експрес-контрольних (6 годин) модульної контрольної (4 години), підготовка до заліку (6 годин) та самостійне вивчення деяких розділів (12 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. | 4 |
| 2 | Ознайомлення з WEB-сторінками основних БІБД, їх структурою, класифікацією за способом заповнення, анотування. | 4 |
| 3 | Дати характеристику українським науково-дослідним інститутам, які займаються біоінформатикою. | 4 |

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.

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 (65 балів), експрес-контрольні (15 балів) та МКР (30 балів). Докладніша інформація щодо поточного контролю та критеріїв оцінювання наведена в РСО з дисципліни. (Додаток 1). Курсова робота оцінюється у 100 балів.

Календарний контроль: В осінньому семестрі контроль проводять 2 рази на семестр.

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 від 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^* | 5 | 13 | 65 |
| | -якість виконання* | 0-5 | | |
| 2. | Написання експрес-контрольних | | | |
| | - ваговий бал r_k^* | 5 | 3 | 15 |
| | -якість виконання** | 0-5 | | |
| 3. | Модульна контрольна робота | | | |
| | -ваговий бал r_k | 20 | 1 | 20 |
| | - якість виконання*** | 0-20 | | |

| | | | | |
|----|--|--|--|-----|
| 4. | | | | 100 |
|----|--|--|--|-----|

* - Якість виконання практичних робіт:

| | |
|---|---------------|
| бездоганна робота | – 5 балів; |
| є певні недоліки у підготовці та/або виконанні роботи | – 4-4,5 бали; |
| є суттєві недоліки у підготовці та/або виконанні роботи | – 3-3,5 бали; |
| Робота не виконана або не захищена | – 0 балів. |

** Написання експрес-контрольних:

Експрес-контрольна складається з 10 тестових питань представлених в Google Classroom.

| | |
|----------------------|-----------------|
| вірна відповідь | – 0,5 бали; |
| не вірна відповідь | – 0 балів; |
| робота зарахована | – 3-5 балів; |
| робота не зарахована | – 0 -2,5 балів. |

** - Якість виконання модульної контрольної роботи. :

Модульна контрольна робота складається з 10 тестових питань представлених в Google Classroom.

| | |
|----------------------|----------------|
| вірна відповідь | – 2 бали; |
| не вірна відповідь | – 0 балів; |
| робота зарахована | – 12-20 балів; |
| робота не зарахована | – 0 -11 балів. |

Розрахунок шкали (R) рейтингу

Сума вагових балів контрольних заходів протягом семестру складає:

$$R = 65 + 15 + 20 = 100 \text{ балів};$$

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:

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

Питання до контрольної роботи з курсу «Основи біоінформатики»

1. Дати визначення поняттю «База даних».
2. Наведіть класифікацію БД ДНК.
3. Опишіть основні системи пошуку інформації в БД.
4. Дайте загальну характеристику БД UniProt.
5. Наведіть класифікацію БД РНК.
6. Дайте загальну характеристику БД Ligand.
7. Які функції виконують БД ?
8. Назвіть найбільш відомі БД білків.
9. Наведіть класифікацію БД білків.
10. З якими об'єктами оперують БД?
11. Які бази даних об'єднує в собі БД UniProt?
12. Наведіть класифікацію спеціальних БД.
13. Дайте загальну характеристику БД KEGG.
14. Яким чином, зазвичай, класифікують БД?
15. Наведіть класифікацію БД .
16. Дайте загальну характеристику БД EcoСус.
17. Наведіть формати представлення інформації в БД .
18. Які Ви знаєте основні вимоги до програмного забезпечення баз даних?
19. Наведіть приклади архівних БД, та БД, що куруються.
20. В якому розділі UniProt зберігається інформація, взята з наукових публікацій?
21. Дати визначення пан-протеому.
22. Розкрийте суть роботи програми BLAST.
23. Дати визначення терміну *філогенетика*.
24. Дати визначення терміну *філогенетична схема (дерево)*.
25. На основі чого проводиться філогенетичний аналіз?
26. Мета філогенетичних досліджень.
27. Яке дерево називається *вкоріненим*?
28. На основі чого відбувається побудова філогенетичних дерев?
29. Опишіть два підходи для побудови філогенетичних дерев.
30. Які Ви знаєте фенетичні (локальні) методи побудови дерев?
31. Які Ви знаєте кладистичні (глобальні) методи побудови дерев?
32. Що необхідно для побудови філогенетичних дерев?
33. Що представляють собою довжини гілок?
34. Опишіть основні кроки алгоритму Neighbor-Joining (методу приєднання сусідів).
35. Мета передбачення структури білка. Які задачі вирішують передбаченням структури білка.
36. Передбачення вторинної структури білку.
37. Передбачення третинної структури білку.
38. Моделювання за гомологією та розпізнавання укладки при порівняльному моделюванні структури білків.
39. Передбачення четвертинної структури.
40. Білок-білковий докінг.
41. Оцінка методів та структурного моделювання білків з використанням CASP.
42. Програми для переведення амінокислотних послідовностей білку у кодуючі послідовності ДНК. Основні проблеми при зворотній трансляції та способи їх подолання.
43. Передбачення первинної структури білку, якщо відомі кодуючі послідовності ДНК або РНК.

44. Ресурс EMBOS для трансляції АК-послідовностей із ДНК або РНК та для зворотної трансляції.
45. ORFs та CDS. У чому різниця? Як перевести CDS у послідовність ДНК або РНК.
46. Програми для візуалізації 3Д структури білку.
47. Програма VAST+, її особливості, де використовується.
48. Мета 3Д вирівнювання білкових послідовностей.
49. Передбачення 3Д структури із використанням бази даних PDB, її особливості, які задачі вирішуються.
50. Що таке RMSD та як використовується при прогнозуванні 3Д структури білку.
51. Ланцюги Маркова, алгоритм Вітербі.
52. Що таке умовна ймовірність? Наведіть приклад.
53. Що таке «Ланцюг Маркова»?
54. Де і у яких галузях науки застосовуються марківські моделі? Які задачі можна вирішити за допомогою марківських ланцюгів?
55. Що таке прихована марківська модель?
56. ПММ у біоінформатиці.
57. Що таке CpG-острівець?
58. Алгоритм Вітербі. Де використовується, які його особливості.
59. Умови для застосування алгоритму Вітербі
60. Наведіть рекурентні формули алгоритму Вітербі.
61. Розшифруйте поняття «постгеномна епоха».
62. Історія розшифровки геному.
63. Які питання та задачі вирішив проект «Геном людини», можливі майбутні відкриття та розробки.
64. Яка роль біоінформатики у розшифровці геному?
65. Які задачі вирішують завдяки розвитку сучасної біоінформатиці?
66. Нові наукові напрями, які виникли внаслідок розшифровки генів та технічному прогресу. Наведіть приклади та коротко опишіть, що вони вивчають та досліджують.
67. Молекулярний докінг. Наведіть як приклад декілька програм, що використовуються для молекулярного докінгу.
68. Дати визначення поняттю супрекомп'ютер.
69. Який супрекомп'ютер займає 1 місце в рейтингу ТОП100?
70. Що таке Терафлопс?
71. Що таке GRID-система?
72. Чи є GRID-система в Україні?
73. Що таке ДНК-мікрочіп?
74. Методи виробництва ДНК-мікрочіпів
75. Що таке білкові-мікрочіпи?
76. Методи виробництва мікрочіпів.

Питання на залік

1. Дати визначення поняттю «База даних».
2. Наведіть класифікацію БД ДНК.
3. Опишіть основні системи пошуку інформації в БД.
4. Дайте загальну характеристику БД UniProt.
5. Наведіть класифікацію БД РНК.
6. Дайте загальну характеристику БД Ligand.
7. Які функції виконують БД ?
8. Назвіть найбільш відомі БД білків.
9. Наведіть класифікацію БД білків.
10. З якими об'єктами оперують БД?
11. Які бази даних об'єднує в собі БД UniProt?
12. Наведіть класифікацію спеціальних БД.
13. Дайте загальну характеристику БД KEGG.
14. Яким чином, зазвичай, класифікують БД?

15. Наведіть класифікацію БД .
16. Дайте загальну характеристику БД EсоСус.
17. Наведіть формати представлення інформації в БД .
18. Які Ви знаєте основні вимоги до програмного забезпечення баз даних?
19. Наведіть приклади архівних БД, та БД, що куруються.
20. В якому розділі UniProt зберігається інформація, взята з наукових публікацій?
21. Дати визначення пан-протеому.
22. Розкрийте суть роботи програми BLAST.
23. Дати визначення терміну *філогенетика*.
24. Дати визначення терміну *філогенетична схема (дерево)*.
25. На основі чого проводиться філогенетичний аналіз?
26. Мета філогенетичних досліджень.
27. Яке дерево називається *вкоріненним*?
28. На основі чого відбувається побудова філогенетичних дерев?
29. Опишіть два підходи для побудови філогенетичних дерев.
30. Які Ви знаєте фенетичні (локальні) методи побудови дерев?
31. Які Ви знаєте кладистичні (глобальні) методи побудови дерев?
32. Що необхідно для побудови філогенетичних дерев?
33. Що представляють собою довжини гілок?
34. Опишіть основні кроки алгоритму Neighbor-Joining (методу приєднання сусідів).
35. Мета передбачення структури білка. Які задачі вирішують передбаченням структури білка.
36. Передбачення вторинної структури білку.
37. Передбачення третинної структури білку.
38. Моделювання за гомологією та розпізнавання укладки при порівняльному моделюванні структури білків.
39. Передбачення четвертинної структури.
40. Білок-білковий докінг.
41. Оцінка методів та структурного моделювання білків з використанням CASP.
42. Програми для переведення амінокислотних послідовностей білку у кодуючі послідовності ДНК. Основні проблеми при зворотній трансляції та способи їх подолання.
43. Передбачення первинної структури білку, якщо відомі кодуючі послідовності ДНК або РНК.
44. Ресурс EMBOSS для трансляції АК-послідовностей із ДНК або РНК та для зворотної трансляції.
45. ORFs та CDS. У чому різниця? Як перевести CDS у послідовність ДНК або РНК.
46. Програми для візуалізації 3Д структури білку.
47. Програма VAST+, її особливості, де використовується.
48. Мета 3Д вирівнювання білкових послідовностей.
49. Передбачення 3Д структури із використанням бази даних PDB, її особливості, які задачі вирішуються.
50. Що таке RMSD та як використовується при прогнозуванні 3Д структури білку.
51. Ланцюги Маркова, алгоритм Вітербі.
52. Що таке умовна ймовірність? Наведіть приклад.
53. Що таке «Ланцюг Маркова»?
54. Де і у яких галузях науки застосовуються марківські моделі? Які задачі можна вирішити за допомогою марківських ланцюгів?
55. Що таке прихована марківська модель?
56. ПММ у біоінформатиці.
57. Що таке CpG-острівець?
58. Алгоритм Вітербі. Де використовується, які його особливості.
59. Умови для застосування алгоритму Вітербі
60. Наведіть рекурентні формули алгоритму Вітербі.
61. Розшифруйте поняття «постгеномна епоха».
62. Історія розшифровки геному.

63. Які питання та задачі вирішив проект «Геном людини», можливі майбутні відкриття та розробки.
64. Яка роль біоінформатики у розшифровці геному?
65. Які задачі вирішують завдяки розвитку сучасної біоінформатиці?
66. Нові наукові напрями, які виникли внаслідок розшифровки генів та технічному прогресу. Наведіть приклади та коротко опишіть, що вони вивчають та досліджують.
67. Молекулярний докінг. Наведіть як приклад декілька програм, що використовуються для молекулярного докінгу.
68. Дати визначення поняттю супрекомп'ютер.
69. Який супрекомп'ютер займає 1 місце в рейтингу ТОП100?
70. Що таке Терафлопс?
71. Що таке GRID-система?
72. Чи є GRID-система в Україні?
73. Що таке ДНК-мікрочіп?
74. Методи виробництва ДНК-мікрочіпів
75. Що таке білкові-мікрочіпи?
76. Методи виробництва мікрочіпів.

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 29.06.2022 р.)

Погоджено Методичною комісією факультету біотехнології і біотехніки (протокол № 9 від 30.06.2022 р.)