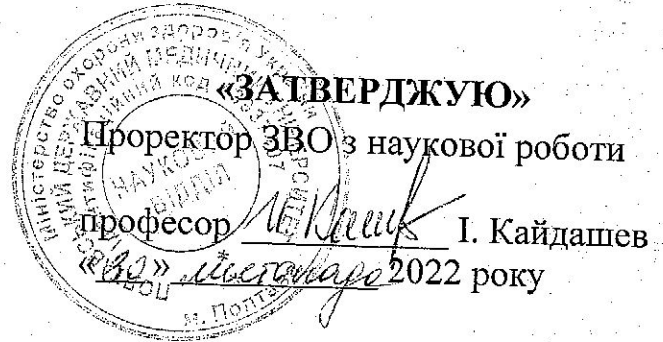


МІНІСТЕРСТВО ОХОРОНИ ЗДОРОВ'Я УКРАЇНИ
ПОЛТАВСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ МЕДИЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

Кафедра фізики



РОБОЧА ПРОГРАМА ДИСЦИПЛІНИ

Біоінформатика

для здобувачів освіти третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти, які навчаються за освітньо-науковими програмами «Медицина», «Стоматологія», «Педіатрія», «Громадське здоров'я», «Біологія»

Галузі знань: 22 – Охорона здоров'я, 09 - Біологія
(шифр і назва напрямку підготовки)

Спеціальності: 222 – Медицина, 221 – Стоматологія, 228 – Педіатрія, 229 – Громадське здоров'я, 091 – Біологія
(шифр і назва спеціальності)

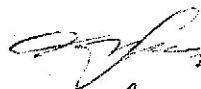
Робоча програма дисципліни «Біоінформатика» для здобувачів освіти третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти, які навчаються за освітньо-науковими програмами «Медицина», «Стоматологія», «Педіатрія», «Громадське здоров'я», «Біологія».

«29» листопада 2022 року – 21 с.

Розробники: Мороховець Г. Ю. – зав. аспірантурою наукового відділу, к.пед.н.; Сілкова О. В. – завідувач кафедри фізики, к.пед.н., доцент.

Робоча програма дисципліни «Біоінформатика» затверджена на засіданні вченої ради ПДМУ.

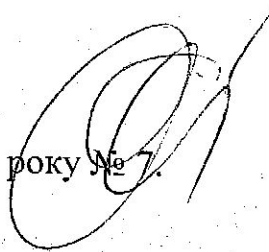
Секретар Вченої ради



(доц. Філатова В. Л.)

Протокол від «30» листопада 2022 року № 3

Завідувач кафедри



(доц. Сілкова О. В.)

Протокол від «28» листопада 2022 року № 7.

ВСТУП

Дисципліна «Біоінформатика» є складовою освітньо-наукових програм підготовки здобувачів за третім рівнем вищої освіти галузей знань: 22 – Охорона здоров'я, 09 – Біологія, спеціальностей: 222 – Медицина, 221 – Стоматологія, 228 – Педіатрія, 229 – Громадське здоров'я, 091 – Біологія.

Дана дисципліна є нормативною.

Викладається у 2 семестрі 1 року навчання в обсязі – 30 год. (1 кредит ECTS) зокрема: лекції – 10 год., практичні заняття – 10 год., самостійна робота – 10 год. У курсі передбачені лекційні, практичні заняття, самостійна та індивідуальна робота. Завершується дисципліна заліком.

Зміст дисципліни. У найбільш загальному визначенні біоінформатика є комплексом підходів до аналізу результатів біологічних експериментів. Дисципліна складається із лекційних та практичних занять, на яких будуть поставлені певні задачі з експериментальної біології та надано підходи, методи, прийоми для їхнього вирішення сучасними методами обчислювальної техніки, які забезпечуються спеціалізованими комп'ютерними програмами. У курсі надаються базові визначення з біоінформатики та алгоритми, які дають змогу працювати з матрицями біологічних даних.

Мета вивчення дисципліни «Біоінформатика»: навчити аспірантів орієнтуватися в сучасних концепціях біоінформатики, дати цілісне уявлення про структуру та методи аналізу біологічних послідовностей, структуру та методи аналізу просторових структур біологічних молекул, сформувані у аспірантів цілісний і системний погляд на організацію біологічної інформації на молекулярному рівні.

У результаті вивчення навчальної дисципліни аспірант повинен:

Знати: основні концепції аналізу біологічних текстів, основні концепції відтворення і аналізу просторової організації біомолекул, основи організації цілих геномів та методи їх порівняльного аналізу.

Вміти: аналізувати та порівнювати біологічні тексти, працювати з банками даних біологічних послідовностей і просторових структур, здійснювати парне та множинне вирівнювання послідовностей, проводити філогенетичний аналіз, працювати зі спеціальними програмними комплексами, вміти цілісно і системно мислити.

Місце дисципліни (в структурно-логічній схемі підготовки фахівців відповідного напрямку). Дисципліна «Біоінформатика» є базовою у циклі загальнонаукової підготовки третього освітньо-наукового рівня вищої освіти.

Зв'язок з іншими дисциплінами. Місце дисципліни визначається його структурно-логічним зв'язком з іншими дисциплінами, зокрема: інформатикою, прикладною математикою, статистикою, біохімією, біофізикою, екологією, генетикою та іншими.

Розподіл змісту освітньо-наукових програм підготовки доктора філософії за циклами наведено нижче.

Дисципліни підготовки в аспірантурі:

I. Цикл оволодіння загальнонауковими (філософськими) компетентностями:

1. Історія та філософія науки;
2. Біоетика;

3. Біоінформатика;
 4. Психологія спілкування;
 5. Психологія та педагогіка вищої школи;
 6. Теорія пізнання у біомедицині;
- II. Іноземна мова:
1. Англійська мова (прогресивний рівень);
 2. Курс англійської / німецької мови наукового спілкування.
- III. Цикл набуття універсальних навичок дослідника:
1. Методологія наукового і патентного пошуку;
 2. Медична статистика;
 3. Клінічна імунологія;
 4. Клінічна епідеміологія;
 5. Молекулярна біологія;
 6. Курс академічної доброчесності.
- IV. Спеціальність:
1. трансляційна медицина / Інтегративна стоматологія / Інтегративна педіатрія / Інтегративна біологія / Громадське здоров'я;
 2. Спецпредмет).

Компетентності, формуванню яких сприяє дисципліна (ОК)

Дисципліна забезпечує набуття здобувачами наступних компетентностей компетентностей:

загальних:

ЗК4 - вільне спілкування з питань, що стосуються сфери наукових та експертних знань, з колегами, широкою науковою спільнотою, суспільством в цілому;

фахових:

ФК 4 - знати: основні концепції аналізу біологічних текстів, основні концепції відтворення і аналізу просторової організації біомолекул, основи організації цілих геномів та методи їх порівняльного аналізу. Вміти: аналізувати та порівнювати біологічні тексти, працювати з банками даних біологічних послідовностей і просторових структур, здійснювати парне та множинне вирівнювання послідовностей, проводити філогенетичний аналіз, працювати зі спеціальними програмними комплексами, вміти цілісно і системно мислити.

Програмні результати навчання, формуванню яких сприяє дисципліна

Дисципліна забезпечує набуття здобувачами наступних програмних результатів навчання:

- ПРН 3. Формулювати наукові гіпотези, мету і завдання наукового дослідження. Формулювати наукові гіпотези, мету і завдання наукового дослідження.
- ПРН 4. Самостійно і критично проводити аналіз і синтез наукових даних. Розробляти дизайн та план наукового дослідження, використовуючи відповідні методи дослідження в галузі медицини.
- ПРН 5. Виконувати та вдосконалювати сучасні методика дослідження за обраним напрямом наукового проекту та освітньої діяльності. Винаходити нові способи діагностики, лікування та профілактики захворювань людини.
- ПРН 6. Використовувати результати наукових досліджень в медичній практиці, освітньому процесі та суспільстві. Інтерпретувати можливості та обмеження наукового дослідження, його роль в розвитку системи наукових знань і суспільства в цілому.
- ПРН 9. Оцінювати ефективність освітнього процесу, рекомендувати шляхи його удосконалення.
- ПРН 10. Використовувати етичні принципи в роботі з пацієнтами, лабораторними тваринами, дотримуватися наукової етики. Демонструвати академічну доброчесність та діяти відповідально щодо достовірності отриманих наукових результатів.

Контроль знань і розподіл балів, які отримують студенти.

Контроль здійснюється за модульно-рейтинговою системою.

Обов'язковим для іспиту є написання індивідуальної роботи з модуля.

Оцінювання за формами контролю:

	Змістовий модуль	
	Min. – 60 балів	Max. – 100 балів
Усна відповідь	2	4
Індивідуальна робота	10	20

Для аспірантів, які набрали сумарно меншу кількість балів ніж критично-розрахунковий мінімум – 60 балів для одержання іспиту/заліку обов'язково (слід зазначити умови, які висуває лектор).

При простому розрахунку отримаємо:

	Змістовий модуль I	Індивідуальна робота	залік	Підсумкова оцінка
Мінімум	10	10	40	60
Максимум	20	20	60	100

При цьому, кількість балів:

- 1-34 відповідає оцінці «незадовільно» з обов'язковим повторним вивченням дисципліни;
- 35-59 відповідає оцінці «незадовільно» з можливістю повторного складання;
- 60-64 відповідає оцінці «задовільно» («достатньо»);
- 65-74 відповідає оцінці «задовільно»;
- 75 - 84 відповідає оцінці «добре»;
- 85 - 89 відповідає оцінці «добре» («дуже добре»);
- 90 - 100 відповідає оцінці «відмінно».

Шкала відповідності (за умови іспиту)

За 100 – бальною шкалою	За національною шкалою	
90 – 100	5	відмінно
85 – 89	4	добре
75 – 84		
65 – 74	3	задовільно
60 – 64		
35 – 59	2	не задовільно
1 – 34		

Шкала відповідності (за умови заліку)

За 100 – бальною шкалою	За національною шкалою
90 – 100	Зараховано
85 – 89	
75 – 84	
65 – 74	
60 – 64	
1 – 59	не зараховано

ПРОГРАМА ДИСЦИПЛІНИ

- Тема 1.** Введення в біоінформатику. Біоінформатика послідовностей
- Тема 2.** Вирівнювання біологічних послідовностей
- Тема 3.** Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності
- Тема 4.** Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних
- Тема 5.** Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки
- Тема 6.** Філогенетичний аналіз

**СТРУКТУРА ДИСЦИПЛНИ
ТЕМАТИЧНИЙ ПЛАН ЛЕКЦІЙ І ПРАКТИЧНИХ ЗАНЯТЬ**

Назви тем	Кількість годин			
	Усього	у тому числі		
		Лекції	Практичні	СР
1	2	3	4	5
Тема 1. Введення в біоінформатику. Біоінформатика послідовностей	4	2	-	2
Тема 2. Вирівнювання біологічних послідовностей. Філогенетичний аналіз	8	2	4	2
Тема 3. Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності	4	2	-	2
Тема 4. Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних	10	2	6	2
Тема 5. Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки	4	2	-	2
<i>Індивідуальна робота</i>				
Усього годин	30	10	10	10

Загальний обсяг **_30 год.**, в тому числі:

Лекцій – **_10 год.**

Практичні – **10 год.**

Самостійна робота - **10 год.**

ТЕМА 1. ВВЕДЕННЯ У БІОІНФОРМАТИКУ. БІОІНФОРМАТИКА ПОСЛІДОВНОСТЕЙ (4 год.).

Лекція 1. Введення у біоінформатику. Біоінформатика послідовностей (2 год.):

Історія розвитку біоінформатики. Предмет біоінформатики.
Біоінформатика послідовностей.

Контрольні запитання та завдання:

1. Що таке біоінформатика?
2. Де зберігаються біоінформаційні дані?
3. Коли біоінформатика виділилася у окрему наукову галузь?
4. Які основні питання входять до предмету біоінформатики?
5. Які основні напрямки розвитку біоінформатики?
6. У чому полягає фізична суть методу секвенування?
7. Які є напрямки використання мас-спектрометрів у біології?
8. Яка фізична суть методу хроматографії?
9. Для чого призначені мас-спектрометри?
10. У чому полягає суть центральної догми молекулярної біології?
11. Що таке карта взаємодії білків?
12. Яким чином можна отримати пептидний відбиток білка?
13. Як можна встановити взаємодію білків у клітині?
14. Які основні принципи процесу дослідження пептидних сумішей?

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Інформація у живих системах.

Центральна догма молекулярної біології.

Поняття гідрофільності та гідрофобності білків.

Терапевтична активність синтетичних пептидів.

Рекомендована література:

1. Wooller SK, Benstead-Hume G, Chen X, Ali Y, Pearl FMG. Bioinformatics in translational drug discovery. Biosci Rep. 2017 Jul 7;37(4):BSR20160180. doi: 10.1042/BSR20160180. PMID: 28487472; PMCID: PMC6448364.
2. Akalin PK. Introduction to bioinformatics. Mol Nutr Food Res. 2006 Jul;50(7):610-9. doi: 10.1002/mnfr.200500273. PMID: 16810733.
3. Кайдашев И. П. Вплив пептидного комплексу нирок на процеси імунітету та неспецифічної резистентності за умов полікомпонентної імунопатології / І. П. Кайдашев // Вісник проблем біології і медицини. – 1998. – № 11. – с. 63-67.
4. Ibrahim B, McMahon DP, Hufsky F, Beer M, Deng L, Mercier PL, Palmarini M, Thiel V, Marz M. A new era of virus bioinformatics. Virus Res. 2018 Jun 2;251:86-90. doi: 10.1016/j.virusres.2018.05.009. Epub 2018 May 8. PMID: 29751021.
8. Oliver GR, Hart SN, Klee EW. Bioinformatics for clinical next generation sequencing. Clin Chem. 2015 Jan;61(1):124-35. doi: 10.1373/clinchem.2014.224360. Epub 2014 Dec 1. PMID: 25451870.
9. Cho YR, Kang M. Interpretable machine learning in bioinformatics. Methods. 2020 Jul 1;179:1-2. doi: 10.1016/j.ymeth.2020.05.024. Epub 2020 May 30. PMID: 32479800.

10. Greene AC, Giffin KA, Greene CS, Moore JH. Adapting bioinformatics curricula for big data. Brief Bioinform. 2016 Jan;17(1):43-50. doi: 10.1093/bib/bbv018. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25829469; PMCID: PMC4719066.

11. Uesaka K, Oka H, Kato R, Kanie K, Kojima T, Tsugawa H, Toda Y, Horinouchi T. Bioinformatics in bioscience and bioengineering: Recent advances, applications, and perspectives. J Biosci Bioeng. 2022 Nov;134(5):363-373. doi: 10.1016/j.jbiosc.2022.08.004. Epub 2022 Sep 17. PMID: 36127250.

12. Elisabetta M. Introduction to JBCB Special Issue on BIOINFORMATICS 2019. J Bioinform Comput Biol. 2019 Oct;17(5):1902003. doi: 10.1142/S0219720019020037. PMID: 31856665.

ТЕМА 2. ВИРІВНЮВАННЯ БІОЛОГІЧНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ. ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ (8 год.).

Лекція 2. Virivnyuvannya biolohichnykh poslidovnoстей. Filogenetichnyy analiz (2 год.):

Принципи вирівнювання послідовностей.

Принцип матриці крапок.

Алгоритми Ніделмана-Вунша та Сміта-Уотермана.

Виконання філогенетичного аналізу у пакеті Phylogeny.fr.

Контрольні запитання та завдання:

1. Які білки називаються гомологічними?
2. У чому заключається різниця між термінами «аналогія» та «гомологія»?
3. Який процес називається вирівнюванням біологічних послідовностей?
4. Які існують види вирівнювання біологічних послідовностей?
5. Що таке множинне вирівнювання біологічних послідовностей?
6. Суть базового принципу вирівнювання біологічних послідовностей?
7. Суть принципу матриці крапоу у вирівнюванні біологічних послідовностей?
8. Як визначається число можливих вирівнювань для двох біологічних послідовностей?
9. У чому заключається суть методу вирівнювання Ніделмана – Вунша?
10. У чому заключається суть методу вирівнювання Сміта–Уотермана?
11. Використовуючи принцип матриці крапок, вирівняйте дві послідовності 1: FTFTALILLAVAV та 2: FTFTALITLAVTV.
12. Підрахуйте, чому дорівнює число можливих вирівнювань для послідовностей 1: MSNITYDVAREANVSMATVSRVVNGNPNVKPTTRKKVLEAIERLGYRPN AVAR GLASKK та 2: MENITYDEAREANVTMATVSRVVNGNPNVKPTTRKTVLEAIERLGYRPN AVAR GLASTK.
13. Послідовності із завдання 1 вирівняйте за допомогою алгоритму Ніделмана – Вунша.
14. За принципом Сміта–Уотермана розрахуйте значення генетичної дистанції для послідовностей із завдання 2.
15. Що таке філогенія?
16. Яким чином відбувається візуалізація у філогенетичному аналізі?
17. Які програми для вирівнювання послідовностей, крім MUSCLE, використовує пакет Phylogeny.fr?

18. Яка суть методу найбільшої правдоподібності?
19. У чому заключається принцип найбільшої економії?
20. У чому заключається принцип Байєса?
21. Які програми для побудови філогенетичних дерев має пакет Phylogeny.fr?
22. Вирівняйте досліджувані послідовності за допомогою програми ClustalW пакету Phylogeny.fr.
23. Візуалізуйте філогенетичне дерево досліджуваних послідовностей за допомогою інструменту TreeDун пакету Phylogeny.fr.
24. Візуалізуйте філогенетичне дерево досліджуваних послідовностей за допомогою інструменту Drawgram пакету Phylogeny.fr.
25. Візуалізуйте філогенетичне дерево досліджуваних послідовностей за допомогою інструменту DrawTree пакету Phylogeny.fr.

Практичне заняття (4 год.):

Парне та множинне вирівнювання.
 Принцип матриці крапок.
 Алгоритми Ніделмана-Вунша та Сміта-Уотермана.
 Множинне вирівнювання.
 Філогенетичний аналіз

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Додаткові функції філогенетичного аналізу у пакеті Phylogeny.fr.

Рекомендована література:

1. Li H. Minimap2: pairwise alignment for nucleotide sequences. *Bioinformatics*. 2018 Sep 15;34(18):3094-3100. doi: 10.1093/bioinformatics/bty191. PMID: 29750242; PMCID: PMC6137996.
2. Korotkov EV, Suvorova YM, Kostenko DO, Korotkova MA. Multiple Alignment of Promoter Sequences from the Arabidopsis thaliana L. Genome. *Genes (Basel)*. 2021 Jan 21;12(2):135. doi: 10.3390/genes12020135. PMID: 33494278; PMCID: PMC7909805.
4. Pozzi FI, Green GY, Barbona IG, Rodriguez GR, Felitti SA. CleanBSequences: an efficient curator of biological sequences in R. *Mol Genet Genomics*. 2020 Jul;295(4):837-841. doi: 10.1007/s00438-020-01671-z. Epub 2020 Apr 16. PMID: 32300860.
5. Sievers F, Wilm A, Dineen D, Gibson TJ, Karplus K, Li W, Lopez R, McWilliam H, Remmert M, Söding J, Thompson JD, Higgins DG. Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Mol Syst Biol*. 2011 Oct 11;7:539. doi: 10.1038/msb.2011.75. PMID: 21988835; PMCID: PMC3261699.
6. Rubio-Largo A, Vanneschi L, Castelli M, Vega-Rodríguez MA. Reducing Alignment Time Complexity of Ultra-Large Sets of Sequences. *J Comput Biol*. 2017 Nov;24(11):1144-1154. doi: 10.1089/cmb.2017.0097. Epub 2017 Jul 7. PMID: 28686466.
7. Jain M, Koren S, Miga KH, Quick J, Rand AC, Sasani TA, Tyson JR, Beggs AD, Dilthey AT, Fiddes IT, Malla S, Marriott H, Nieto T, O'Grady J, Olsen HE, Pedersen BS, Rhie A, Richardson H, Quinlan AR, Snutch TP, Tee L, Paten B, Phillippy AM, Simpson JT, Loman NJ, Loose M. Nanopore sequencing and assembly of a human genome with ultra-long reads. *Nat Biotechnol*. 2018 Apr;36(4):338-345. doi: 10.1038/nbt.4060. Epub 2018 Jan 29. PMID: 29431738; PMCID: PMC5889714.
8. Liao Y, Smyth GK, Shi W. The R package Rsubread is easier, faster, cheaper and better for alignment and quantification of RNA sequencing reads. *Nucleic Acids Res*. 2019 May 7;47(8):e47. doi: 10.1093/nar/gkz114. PMID: 30783653; PMCID: PMC6486549.
9. Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Brief Bioinform*. 2019 Jul 19;20(4):1160-1166. doi: 10.1093/bib/bbx108. PMID: 28968734; PMCID: PMC6781576.

10. Sun J, Chen K, Hao Z. Pairwise alignment for very long nucleic acid sequences. *Biochem Biophys Res Commun.* 2018 Jul 20;502(3):313-317. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.05.134. Epub 2018 May 29. PMID: 29800571.
11. Zhang H, Song L, Wang X, Cheng H, Wang C, Meyer CA, Liu T, Tang M, Aluru S, Yue F, Liu XS, Li H. Fast alignment and preprocessing of chromatin profiles with Chromap. *Nat Commun.* 2021 Nov 12;12(1):6566. doi: 10.1038/s41467-021-26865-w. PMID: 34772935; PMCID: PMC8589834.
12. König S, Romoth L, Stanke M. Comparative Genome Annotation. *Methods Mol Biol.* 2018;1704:189-212. doi: 10.1007/978-1-4939-7463-4_6. PMID: 29277866.
13. Huang J, Dai Q, Yao Y, He PA. A Generalized Iterative Map for Analysis of Protein Sequences. *Comb Chem High Throughput Screen.* 2022;25(3):381-391. doi: 10.2174/1386207323666201012142318. PMID: 33045963.
14. Deorowicz S, Walczyszyn J, Debudaj-Grabysz A. CoMSA: compression of protein multiple sequence alignment files. *Bioinformatics.* 2019 Jan 15;35(2):227-234. doi: 10.1093/bioinformatics/bty619. PMID: 30010777.
15. Ranwez V, Chantret N, Delsuc F. Aligning Protein-Coding Nucleotide Sequences with MACSE. *Methods Mol Biol.* 2021;2231:51-70. doi: 10.1007/978-1-0716-1036-7_4. PMID: 33289886.
19. Bergensträhle J, Larsson L, Lundeberg J. Seamless integration of image and molecular analysis for spatial transcriptomics workflows. *BMC Genomics.* 2020 Jul 14;21(1):482. doi: 10.1186/s12864-020-06832-3. PMID: 32664861; PMCID: PMC7386244.
201. Suzuki Y. Informatics for PacBio Long Reads. *Adv Exp Med Biol.* 2019;1129:119-129. doi: 10.1007/978-981-13-6037-4_8. PMID: 30968364.
21. Marco-Sola S, Moure JC, Moreto M, Espinosa A. Fast gap-affine pairwise alignment using the wavefront algorithm. *Bioinformatics.* 2021 May 1;37(4):456-463. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa777. PMID: 32915952; PMCID: PMC8355039.
24. Liu S, Wang Y, Tong W, Wei S. A fast and memory efficient MLCS algorithm by character merging for DNA sequences alignment. *Bioinformatics.* 2020 Feb 15;36(4):1066-1073. doi: 10.1093/bioinformatics/btz725. PMID: 31584616.

ТЕМА 3. СЕКВЕНУВАННЯ ГЕНОМІВ. СИНТЕЗ ПЕПТИДІВ-АНАЛОГІВ ТА ДОСЛІДЖЕННЯ ЇХ БІОЛОГІЧНОЇ АКТИВНОСТІ (4 ГОД.)

Лекція 3. Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності (2 год.):

Секвенування по Сенгеру.
Геном людини. Нові методи секвенування.

Контрольні запитання та завдання:

1. З яких етапів складається процес секвенування?
2. Які маси ДНК використовують для секвенування?
3. Назвіть методи розрізання ДНК.
4. Що таке фермент-рестриктаза?
5. У чому полягає суть методу дробовика?
6. Що таке клонування ДНК?
7. Для чого у процесі секвенування застосовують плазміді?
8. Як проходить процес реплікації ДНК у плазміді?
9. Як проходить процес термі нації ланцюга ДНК?
10. У чому полягає суть секвенування по методу Сенгера?
11. Який процес називають збором контигів?
12. У чому полягає суть технології ПЛР?
13. Які основні характеристики геному людини?

14. Які новітні методи секвенування існують сьогодні? У чому їх суть?
15. Підрахуйте скільки ланцюгів міститься у одному пікограмі ДНК?

Рекомендована література:

1. McCombie WR, McPherson JD, Mardis ER. Next-Generation Sequencing Technologies. Cold Spring Harb Perspect Med. 2019 Nov 1;9(11):a036798. doi: 10.1101/cshperspect.a036798. PMID: 30478097; PMCID: PMC6824406.
2. Yoshinaga Y, Daum C, He G, O'Malley R. Genome Sequencing. Methods Mol Biol. 2018;1775:37-52. doi: 10.1007/978-1-4939-7804-5_4. PMID: 29876807.
3. Levy SE, Boone BE. Next-Generation Sequencing Strategies. Cold Spring Harb Perspect Med. 2019 Jul 1;9(7):a025791. doi: 10.1101/cshperspect.a025791. PMID: 30323017; PMCID: PMC6601457.
4. Burian AN, Zhao W, Lo TW, Thurtle-Schmidt DM. Genome sequencing guide: An introductory toolbox to whole-genome analysis methods. Biochem Mol Biol Educ. 2021 Sep;49(5):815-825. doi: 10.1002/bmb.21561. Epub 2021 Aug 11. PMID: 34378845; PMCID: PMC9291972.
5. Lin HN, Hsu WL. GSAalign: an efficient sequence alignment tool for intra-species genomes. BMC Genomics. 2020 Feb 24;21(1):182. doi: 10.1186/s12864-020-6569-1. PMID: 32093618; PMCID: PMC7041101.
6. Lin HN, Hsu WL. GSAalign: an efficient sequence alignment tool for intra-species genomes. BMC Genomics. 2020 Feb 24;21(1):182. doi: 10.1186/s12864-020-6569-1. PMID: 32093618; PMCID: PMC7041101.
7. Glanzmann B, Jooste T, Ghoor S, Gordon R, Mia R, Mao J, Li H, Charls P, Douman C, Kotze MJ, Peeters AV, Loots G, Esser M, Tiemessen CT, Wilkinson RJ, Louw J, Gray G, Warren RM, Möller M, Kinnear C. Human whole genome sequencing in South Africa. Sci Rep. 2021 Jan 12;11(1):606. doi: 10.1038/s41598-020-79794-x. PMID: 33436733; PMCID: PMC7803990.
8. Levy-Sakin M, Pastor S, Mostovoy Y, Li L, Leung AKY, McCaffrey J, Young E, Lam ET, Hastie AR, Wong KHY, Chung CYL, Ma W, Sibert J, Rajagopalan R, Jin N, Chow EYC, Chu C, Poon A, Lin C, Naguib A, Wang WP, Cao H, Chan TF, Yip KY, Xiao M, Kwok PY. Genome maps across 26 human populations reveal population-specific patterns of structural variation. Nat Commun. 2019 Mar 4;10(1):1025. doi: 10.1038/s41467-019-08992-7. PMID: 30833565; PMCID: PMC6399254.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Геном людини. Нові методи секвенування.

ТЕМА 4. ІНСТРУМЕНТИ БІОІНФОРМАТИКИ: ІНСТРУМЕНТИ РОБОТИ З БІОЛОГІЧНИМИ ДАНИМИ, СВІТОВІ БАЗИ ДАНИХ (10 ГОД.)

Лекція 4. Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних (2 год.):

Виконання множинного вирівнювання у програмі ClustalW.

Виконання множинного вирівнювання у програмі MUSCLE.

Виконання множинного вирівнювання у програмі MatLab.

Етапи виконання множинного вирівнювання у базі даних UniProt

Контрольні запитання та завдання:

1. На основі якого алгоритму працює програма ClustalW?
2. У яких варіантах представлена програма ClustalW? Назвіть особливості кожного з них.
3. Назвіть основні можливості програми ClustalW.
4. З якими форматами даних дозволяє працювати програма MUSCLE?
5. Яку функцію виконує опція Output Tree?

6. У чому заключається суть індексу цитування?
7. Назвіть основні переваги роботи з ресурсом Google Scholar.
8. Назвіть причини створення біологічних баз даних.
9. Чому бази даних біологічних послідовностей містять помилки?
10. Яка із баз даних з'явилася першою і чому?
11. Що таке ідентифікатор запису у базі даних?
12. За якими критеріями можна здійснювати пошук у базах даних?
13. Як поповнюються бази даних біологічних послідовностей?
14. Що являє собою база GenBank і як вона виникла?
15. З яких джерел надходить інформація про послідовності ДНК та РНК до GenBank?
16. Що є результатом вирівнювання у базі GenBank?
17. З яких джерел надходить інформація про послідовності до Protein Data Bank?
18. Які допоміжні функції має база даних Protein Data Bank?
19. Що являє собою база PubMed? З яких елементів вона складається?
20. Яку функцію виконує опція Truncation у базі PubMed?
21. Які основні функції має платформа Web of Science?
22. Які корисні функції для роботи з науковими публікаціями має програма Mendeley?
23. Для чого використовують плагін reflect.ws?
24. Для чого застосовується програма UCSF Chimera?
25. Навіщо потрібен заголовок у FASTA-файлі?
26. Для чого у програмі UCSF Chimera використовується розфарбовування різних ділянок моделі різними кольорами?
27. Для чого застосовується редактор JalView?
28. Як у одному FASTA-файлі зберігаються кілька послідовностей?

Практичне заняття (4 год.):

Виконання множинного вирівнювання у програмі ClustalW.
 Виконання множинного вирівнювання у програмі MUSCLE.
 Робота з публікаціями
 Робота з базами даних
 Програми і формати

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Он-лайн ресурси для проведення множинного вирівнювання біологічних послідовностей.

Рекомендована література:

1. Wu S, Haltom J, Zhao W, Yang J, Zhou Z, Gu X. Evolution and functional divergence of the ERBB receptor family. *Pharmacogenomics*. 2021 Jun;22(8):473-484. doi: 10.2217/pgs-2020-0158. Epub 2021 May 26. PMID: 34036795.
2. Chang TJ, Yang DM, Wang ML, Liang KH, Tsai PH, Chiou SH, Lin TH, Wang CT. Genomic analysis and comparative multiple sequences of SARS-CoV2. *J Chin Med Assoc*. 2020 Jun;83(6):537-543. doi: 10.1097/JCMA.0000000000000335. PMID: 32349035.
3. de Oliveira PSB, Silva Júnior JVJ, Weiblen R, Flores EF. Subtyping bovine viral diarrhea virus (BVDV): Which viral gene to choose? *Infect Genet Evol*. 2021 Aug;92:104891. doi: 10.1016/j.meegid.2021.104891. Epub 2021 May 2. PMID: 33945882.
4. Alshrari AS, Hudu SA, Asdaq SMB, Ali AM, Kin CV, Omar AR, Pei CP, Sekawi Z. Bioinformatics analysis of rhinovirus capsid proteins VP1-4 sequences for cross-serotype vaccine development. *J Infect Public Health*. 2021 Nov;14(11):1603-1611. doi: 10.1016/j.jiph.2021.09.001. Epub 2021 Sep 4. PMID: 34624714.

5. UniProt Consortium. UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2023. *Nucleic Acids Res.* 2022 Nov 21;gkac1052. doi: 10.1093/nar/gkac1052. Epub ahead of print. PMID: 36408920.

6. Theodosiou T, Papanikolaou N, Savvaki M, Bonetto G, Maxouri S, Fakourelis E, Eliopoulos AG, Tavernarakis N, Amoutzias GD, Pavlopoulos GA, Aivaliotis M, Nikolettou V, Tzamaras D, Karagogeos D, Iliopoulos I. UniProt-Related Documents (UniReD): assisting wet lab biologists in their quest on finding novel counterparts in a protein network. *NAR Genom Bioinform.* 2020 Feb 11;2(1):lqaa005. doi: 10.1093/nargab/lqaa005. PMID: 33575553; PMCID: PMC7671407.

ТЕМА 5. ФАРМАКОГЕНЕТИКА ЯК СТРУКТУРНА ЧАСТИНА ФАРМАКОГЕНОМІКИ (4ГОД.)

Лекція 5. Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки (2 год.):

Генетична різниця у ферментативному метаболізмі лікарських препаратів.

Концепція індивідуальної лікарської терапії.

Вивчення великої кількості варіацій генома.

Молекулярні маркери, що визначають лікарську терапію.

Технічна сторона фармакогенетики і геноміки.

Контрольні запитання та завдання:

1. Поясніть різницю між фармакогенетикою та фармакогеномікою.
2. Що таке генетичний поліморфізм?
3. У чому полягає важливість вивчення фармакогенетики для юридичних, соціальних та етнічних наслідків?
4. Поясніть вплив поліморфізму на процеси ацетилювання у метаболізмі.
5. Поясніть, як індивідуальний підхід в медицині може спрацьовувати у повсякденній медичній практиці.
6. У чому полягає суть індивідуальної лікарської терапії?
7. Яким чином відбувається утворення набору токсикогенних та детоксикаційних генів окремої людини?
8. Що таке медико-асоційовані поліморфізми?
9. Які основні інформаційні технології застосовуються у фармакогенетичних дослідженнях?
10. У чому полягає суть терапії, що визначається використанням молекулярних маркерів?
11. Поясніть принцип фармакогенетичних та геномних досліджень.
12. Наведіть основні проблеми у дослідженні відповіді на ліки.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Основні інформаційні технології, що застосовуються у фармакогенетичних дослідженнях.

Рекомендована література:

1. Roden DM, McLeod HL, Relling MV, Williams MS, Mensah GA, Peterson JF, Van Driest SL. Pharmacogenomics. *Lancet.* 2019 Aug 10;394(10197):521-532. doi: 10.1016/S0140-6736(19)31276-0. Epub 2019 Aug 5. PMID: 31395440; PMCID: PMC6707519.
2. Cecchin E, Stocco G. Pharmacogenomics and Personalized Medicine. *Genes (Basel).* 2020 Jun 22;11(6):679. doi: 10.3390/genes11060679. PMID: 32580376; PMCID: PMC7348959.
3. Guo C, Xie X, Li J, Huang L, Chen S, Li X, Yi X, Wu Q, Yang G, Zhou H, Liu JP, Chen X. Pharmacogenomics guidelines: Current status and future development. *Clin Exp*

Pharmacol Physiol. 2019 Aug;46(8):689-693. doi: 10.1111/1440-1681.13097. Epub 2019 May 16. PMID: 31009088.

4. Wysocki K, Seibert D. Pharmacogenomics in clinical care. *J Am Assoc Nurse Pract.* 2019 Aug;31(8):443-446. doi: 10.1097/JXX.0000000000000254. PMID: 31348145.

5. Ji X, Ning B, Liu J, Roberts R, Lesko L, Tong W, Liu Z, Shi T. Towards population-specific pharmacogenomics in the era of next-generation sequencing. *Drug Discov Today.* 2021 Aug;26(8):1776-1783. doi: 10.1016/j.drudis.2021.04.015. Epub 2021 Apr 20. PMID: 33892143.

Рекомендована література

1. Кайдашев И. П. Влияние пептидного комплекса нирок на процессы иммунитета та неспецифічної резистентності за умов полікомпонентної імунопатології / І. П. Кайдашев // Вісник проблем біології і медицини. – 1998. – № 11. – с. 63-67.
2. Kaidashev I, Morokhovets H, Rodinkova V, DuBuske L, Bousquet J. Assessment of Google Trends terms reporting allergies and the grass pollen season in Ukraine. *World Allergy Organ J* 2020;13(10).
3. Kaidashev I, Morokhovets H, Rodinkova V, Bousquet J. Patterns in Google Trends Terms Reporting Rhinitis and Ragweed Pollen Season in Ukraine. *Int Arch Allergy Immunol* 2019;178(4):363-369.
4. Morokhovets, H., & Kaidashev, I. (2022). A MATHEMATICAL MODEL FOR PROGNOSIS OF THE COVID-19 INCIDENCE IN UKRAINE USING GOOGLE TRENDS RESOURCES IN REAL-TIME AND FOR THE FUTURE PERIOD. *The Medical and Ecological Problems*, 26(3-4), 3-10. <https://doi.org/10.31718/mep.2022.26.3-4.01>.
5. Kaidashev, I., Morokhovets, H., Rodinkova, V., Bilous, O., DuBuske, L. M., & Bousquet, J. (2020). PATTERNS IN GOOGLE TRENDS TERMS REPORTING RHINITIS AND ALTERNARIA SEASON IN UKRAINE. *The Medical and Ecological Problems*, 24(5-6), 3-6. <https://doi.org/10.31718/mep.2020.24.5-6.01>
6. Wu S, Haltom J, Zhao W, Yang J, Zhou Z, Gu X. Evolution and functional divergence of the ERBB receptor family. *Pharmacogenomics*. 2021 Jun;22(8):473-484. doi: 10.2217/pgs-2020-0158. Epub 2021 May 26. PMID: 34036795.
7. Chang TJ, Yang DM, Wang ML, Liang KH, Tsai PH, Chiou SH, Lin TH, Wang CT. Genomic analysis and comparative multiple sequences of SARS-CoV2. *J Chin Med Assoc*. 2020 Jun;83(6):537-543. doi: 10.1097/JCMA.000000000000335. PMID: 32349035.
8. de Oliveira PSB, Silva Júnior JVJ, Weiblen R, Flores EF. Subtyping bovine viral diarrhoea virus (BVDV): Which viral gene to choose? *Infect Genet Evol*. 2021 Aug;92:104891. doi: 10.1016/j.meegid.2021.104891. Epub 2021 May 2. PMID: 33945882.
9. Alshrari AS, Hudu SA, Asdaq SMB, Ali AM, Kin CV, Omar AR, Pei CP, Sekawi Z. Bioinformatics analysis of rhinovirus capsid proteins VP1-4 sequences for cross-serotype vaccine development. *J Infect Public Health*. 2021 Nov;14(11):1603-1611. doi: 10.1016/j.jiph.2021.09.001. Epub 2021 Sep 4. PMID: 34624714.
10. UniProt Consortium. UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2023. *Nucleic Acids Res*. 2022 Nov 21;gkac1052. doi: 10.1093/nar/gkac1052. Epub ahead of print. PMID: 36408920.
11. Theodosiou T, Papanikolaou N, Savvaki M, Bonetto G, Maxouri S, Fakourelis E, Eliopoulos AG, Tavernarakis N, Amoutzias GD, Pavlopoulos GA, Aivaliotis M, Nikolettou V, Tzamaras D, Karagogeos D, Iliopoulos I. UniProt-Related Documents (UniReD): assisting wet lab biologists in their quest on finding novel counterparts in a protein network. *NAR Genom Bioinform*. 2020 Feb 11;2(1):lqaa005. doi: 10.1093/nargab/lqaa005. PMID: 33575553; PMCID: PMC7671407.
12. Ibrahim B, McMahon DP, Hufsky F, Beer M, Deng L, Mercier PL, Palmarini M, Thiel V, Marz M. A new era of virus bioinformatics. *Virus Res*. 2018 Jun 2;251:86-90. doi: 10.1016/j.virusres.2018.05.009. Epub 2018 May 8. PMID: 29751021.
13. Oliver GR, Hart SN, Klee EW. Bioinformatics for clinical next generation sequencing. *Clin Chem*. 2015 Jan;61(1):124-35. doi: 10.1373/clinchem.2014.224360. Epub 2014 Dec 1. PMID: 25451870.
14. Cho YR, Kang M. Interpretable machine learning in bioinformatics. *Methods*. 2020 Jul 1;179:1-2. doi: 10.1016/j.ymeth.2020.05.024. Epub 2020 May 30. PMID: 32479800.
15. Greene AC, Giffin KA, Greene CS, Moore JH. Adapting bioinformatics curricula for big data. *Brief Bioinform*. 2016 Jan;17(1):43-50. doi: 10.1093/bib/bbv018. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25829469; PMCID: PMC4719066.
16. Uesaka K, Oka H, Kato R, Kanie K, Kojima T, Tsugawa H, Toda Y, Horinouchi T. Bioinformatics in bioscience and bioengineering: Recent advances, applications, and perspectives. *J*

- Biosci Bioeng. 2022 Nov;134(5):363-373. doi: 10.1016/j.jbiosc.2022.08.004. Epub 2022 Sep 17. PMID: 36127250.
17. Elisabetta M. Introduction to JBCB Special Issue on BIOINFORMATICS 2019. *J Bioinform Comput Biol.* 2019 Oct;17(5):1902003. doi: 10.1142/S0219720019020037. PMID: 31856665.
 18. Oliver GR, Hart SN, Klee EW. Bioinformatics for clinical next generation sequencing. *Clin Chem.* 2015 Jan;61(1):124-35. doi: 10.1373/clinchem.2014.224360. Epub 2014 Dec 1. PMID: 25451870.
 19. Cho YR, Kang M. Interpretable machine learning in bioinformatics. *Methods.* 2020 Jul 1;179:1-2. doi: 10.1016/j.ymeth.2020.05.024. Epub 2020 May 30. PMID: 32479800.
 20. Greene AC, Giffin KA, Greene CS, Moore JH. Adapting bioinformatics curricula for big data. *Brief Bioinform.* 2016 Jan;17(1):43-50. doi: 10.1093/bib/bbv018. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25829469; PMCID: PMC4719066.
 21. Uesaka K, Oka H, Kato R, Kanie K, Kojima T, Tsugawa H, Toda Y, Horinouchi T. Bioinformatics in bioscience and bioengineering: Recent advances, applications, and perspectives. *J Biosci Bioeng.* 2022 Nov;134(5):363-373. doi: 10.1016/j.jbiosc.2022.08.004. Epub 2022 Sep 17. PMID: 36127250.
 22. Elisabetta M. Introduction to JBCB Special Issue on BIOINFORMATICS 2019. *J Bioinform Comput Biol.* 2019 Oct;17(5):1902003. doi: 10.1142/S0219720019020037. PMID: 31856665.
 23. Pozzi FI, Green GY, Barbona IG, Rodríguez GR, Felitti SA. CleanBSequences: an efficient curator of biological sequences in R. *Mol Genet Genomics.* 2020 Jul;295(4):837-841. doi: 10.1007/s00438-020-01671-z. Epub 2020 Apr 16. PMID: 32300860.
 24. Sievers F, Wilm A, Dineen D, Gibson TJ, Karplus K, Li W, Lopez R, McWilliam H, Remmert M, Söding J, Thompson JD, Higgins DG. Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Mol Syst Biol.* 2011 Oct 11;7:539. doi: 10.1038/msb.2011.75. PMID: 21988835; PMCID: PMC3261699.
 25. Rubio-Largo A, Vanneschi L, Castelli M, Vega-Rodríguez MA. Reducing Alignment Time Complexity of Ultra-Large Sets of Sequences. *J Comput Biol.* 2017 Nov;24(11):1144-1154. doi: 10.1089/cmb.2017.0097. Epub 2017 Jul 7. PMID: 28686466.
 26. Jain M, Koren S, Miga KH, Quick J, Rand AC, Sasani TA, Tyson JR, Beggs AD, Dilthey AT, Fiddes IT, Malla S, Marriott H, Nieto T, O'Grady J, Olsen HE, Pedersen BS, Rhie A, Richardson H, Quinlan AR, Snutch TP, Tee L, Paten B, Phillippy AM, Simpson JT, Loman NJ, Loose M. Nanopore sequencing and assembly of a human genome with ultra-long reads. *Nat Biotechnol.* 2018 Apr;36(4):338-345. doi: 10.1038/nbt.4060. Epub 2018 Jan 29. PMID: 29431738; PMCID: PMC5889714.
 27. Liao Y, Smyth GK, Shi W. The R package Rsubread is easier, faster, cheaper and better for alignment and quantification of RNA sequencing reads. *Nucleic Acids Res.* 2019 May 7;47(8):e47. doi: 10.1093/nar/gkz114. PMID: 30783653; PMCID: PMC6486549.
 28. Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Brief Bioinform.* 2019 Jul 19;20(4):1160-1166. doi: 10.1093/bib/bbx108. PMID: 28968734; PMCID: PMC6781576.
 29. Sun J, Chen K, Hao Z. Pairwise alignment for very long nucleic acid sequences. *Biochem Biophys Res Commun.* 2018 Jul 20;502(3):313-317. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.05.134. Epub 2018 May 29. PMID: 29800571.
 30. Zhang H, Song L, Wang X, Cheng H, Wang C, Meyer CA, Liu T, Tang M, Aluru S, Yue F, Liu XS, Li H. Fast alignment and preprocessing of chromatin profiles with Chromap. *Nat Commun.* 2021 Nov 12;12(1):6566. doi: 10.1038/s41467-021-26865-w. PMID: 34772935; PMCID: PMC8589834.
 31. König S, Romoth L, Stanke M. Comparative Genome Annotation. *Methods Mol Biol.* 2018;1704:189-212. doi: 10.1007/978-1-4939-7463-4_6. PMID: 29277866.
 32. Huang J, Dai Q, Yao Y, He PA. A Generalized Iterative Map for Analysis of Protein Sequences. *Comb Chem High Throughput Screen.* 2022;25(3):381-391. doi: 10.2174/1386207323666201012142318. PMID: 33945963.

33. Deorowicz S, Walczyszyn J, Debudaj-Grabysz A. CoMSA: compression of protein multiple sequence alignment files. *Bioinformatics*. 2019 Jan 15;35(2):227-234. doi: 10.1093/bioinformatics/bty619. PMID: 30010777.
34. Ranwez V, Chantret N, Delsuc F. Aligning Protein-Coding Nucleotide Sequences with MACSE. *Methods Mol Biol*. 2021;2231:51-70. doi: 10.1007/978-1-0716-1036-7_4. PMID: 33289886.
35. Bergensträhle J, Larsson L, Lundeberg J. Seamless integration of image and molecular analysis for spatial transcriptomics workflows. *BMC Genomics*. 2020 Jul 14;21(1):482. doi: 10.1186/s12864-020-06832-3. PMID: 32664861; PMCID: PMC7386244.
36. Suzuki Y. Informatics for PacBio Long Reads. *Adv Exp Med Biol*. 2019;1129:119-129. doi: 10.1007/978-981-13-6037-4_8. PMID: 30968364.
37. Marco-Sola S, Moure JC, Moreto M, Espinosa A. Fast gap-affine pairwise alignment using the wavefront algorithm. *Bioinformatics*. 2021 May 1;37(4):456-463. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa777. PMID: 32915952; PMCID: PMC8355039.
38. Liu S, Wang Y, Tong W, Wei S. A fast and memory efficient MLCS algorithm by character merging for DNA sequences alignment. *Bioinformatics*. 2020 Feb 15;36(4):1066-1073. doi: 10.1093/bioinformatics/btz725. PMID: 31584616.
39. den DM, McLeod HL, Relling NM, Williams MS, Mensah GA, Peterson JF, Van Driest SL. Pharmacogenomics. *Lancet*. 2019 Aug 10;394(10197):521-532. doi: 10.1016/S0140-6736(19)31276-0. Epub 2019 Aug 5. PMID: 31395440; PMCID: PMC6707519.
40. Cecchin E, Stocco G. Pharmacogenomics and Personalized Medicine. *Genes (Basel)*. 2020 Jun 22;11(6):679. doi: 10.3390/genes11060679. PMID: 32580376; PMCID: PMC7348959.
41. Guo C, Xie X, Li J, Huang L, Chen B, Li X, Yi X, Wu Q, Yang G, Zhou H, Liu JP, Chen X. Pharmacogenomics guidelines: Current status and future development. *Clin Exp Pharmacol Physiol*. 2019 Aug;46(8):689-693. doi: 10.1111/1440-1681.13097. Epub 2019 May 16. PMID: 31009088.
42. Wysocki K, Seibert D. Pharmacogenomics in clinical care. *J Am Assoc Nurse Pract*. 2019 Aug;31(8):443-446. doi: 10.1097/JXX.0000000000000254. PMID: 31348145.
43. Ji X, Ning B, Liu J, Roberts R, Leske L, Tong W, Liu Z, Shi T. Towards population-specific pharmacogenomics in the era of next-generation sequencing. *Drug Discov Today*. 2021 Aug;26(8):1776-1783. doi: 10.1016/j.drudis.2021.01.015. Epub 2021 Apr 20. PMID: 33892143.

ПИТАННЯ ДО ЗАЛІКУ

1. Що таке біоінформатика?
2. Де зберігаються біоінформаційні дані?
3. Коли біоінформатика виділилася у окрему наукову галузь?
4. Які основні питання входять до предмету біоінформатики?
5. Які основні напрямки розвитку біоінформатики?
6. У чому полягає фізична суть методу секвенування?
7. Які є напрямки використання мас-спектрометрів у біології?
8. Яка фізична суть методу хроматографії?
9. У чому полягає суть центральної догми молекулярної біології?
10. Які білки називаються гомологічними?
11. У чому заключається різниця між термінами «аналогія» та «гомологія»?
12. Який процес називається вирівнюванням біологічних послідовностей?
13. Які існують види вирівнювання біологічних послідовностей?
14. Що таке множинне вирівнювання біологічних послідовностей?
15. Суть базового принципу вирівнювання біологічних послідовностей?
16. Суть принципу матриці країв у вирівнюванні біологічних послідовностей?
17. Як визначається число можливих вирівнювань для двох біологічних послідовностей?
18. У чому заключається суть методу вирівнювання Ніделмана – Вунша?
19. У чому заключається суть методу вирівнювання Сміта–Уотермена?
20. З яких етапів складається процес секвенування?
21. Які маси ДНК використовуються для секвенування?
22. Назвіть методи розрізання ДНК.
23. Що таке фермент-рестриктаза?
24. У чому полягає суть методу дробовника?
25. Що таке клонування ДНК?
26. Для чого у процесі секвенування застосовують плазміді?
27. Як проходить процес реплікації ДНК у плазміді?
28. Як проходить процес термінації плазмідного ДНК?
29. У чому полягає суть секвенування по методу Сенгера?
30. Який процес називають збором колтигів?
31. У чому полягає суть технології ПЛР?
32. Які основні характеристики цього шодіни?
33. Які новітні методи секвенування існують сьогодні? У чому їх суть?
34. На основі якого алгоритму працює програма ClustalW?
35. У яких варіантах представлена програма ClustalW? Назвіть особливості кожного з них.
36. Назвіть основні можливості програми ClustalW.
37. З якими форматами даних дозволяє працювати програма MUSCLE?

38. Яку функцію виконує опція Output Tree?
39. У чому заключається суть інструменту цитування?
40. Назвіть основні переваги роботи з ресурсом Google Scholar.
41. Назвіть причини створення біологічних баз даних.
42. Чому бази даних біологічних послідовностей містять помилки?
43. Яка із баз даних з'явилася першою і чому?
44. Що таке ідентифікатор запису у базі даних?
45. За якими критеріями можна здійснювати пошук у базах даних?
46. Як поповнюються бази даних біологічних послідовностей?
47. Що являє собою база GenBank? Як вона виникла?
48. З яких джерел надходить інформація про послідовності ДНК та РНК до GenBank?
49. Що є результатом вирівнювання у базі GenBank?
50. З яких джерел надходить інформація про послідовності до Protein Data Bank?
51. Які допоміжні функції має база даних Protein Data Bank?
52. Що являє собою база PubMed? З яких елементів вона складається?
53. Яку функцію виконує опція Publication у базі PubMed?
54. Які основні функції має платформа Web of Science?
55. Які корисні функції для роботи з науковими публікаціями має програма Mendeley?
56. Для чого використовують платформу reflect.ws?
57. Для чого застосовується програма UCSF Chimera?
58. Навіщо потрібен заголовок у FASTA-файлі?
59. Для чого у програмі UCSF Chimera використовується розфарбовування різних ділянок моделі різними кольорами?
60. Для чого застосовується редактор JalView?
61. Як у одному FASTA-файлі зберігаються кілька послідовностей?
62. Що таке філогенія?
63. Яким чином відбувається візуалізація у філогенетичному аналізі?
64. Які програми для вирівнювання послідовностей, крім MUSCLE, використовує пакет Phylogeny.fr?
65. Яка суть методу найбільшої правдоподібності?
66. У чому заключається принцип найбільшої економії?
67. У чому заключається принцип найменшої кількості змін?
68. Які програми для побудови філогенетичних дерев має пакет Phylogeny.fr?
69. Поясніть різницю між фармакогенетикою та фармакогеномікою.
70. Що таке генетичний поліморфізм?
71. У чому полягає важливість вивчення фармакогенетики для юридичних, соціальних та етичних наслідків?
72. Поясніть вплив поліморфізму на процес ацетилювання у метаболізмі.
73. Поясніть, як індивідуальний підхід в медицині може спрацювати у повсякденній медичній практиці?
74. У чому полягає суть індивідуальної лікарської терапії?
75. Яким чином відбувається утворення набору токсикогенних та детоксикаційних генів окремої людини?

76. Що таке медико-асоційовані поліморфізми?
77. Які основні інформаційні технології застосовуються у фармакогенетичних дослідженнях?
78. У чому полягає суть терапії, що визначається використанням молекулярних маркерів?
79. Поясніть принцип фармакогенетичних та геномних досліджень.
80. Наведіть основні проблеми у дослідженні відповіді на ліки.