

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации  
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение  
высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский  
государственный университет» (Новосибирский государственный  
университет, НГУ)

---

Факультет естественных наук

Согласовано  
Декан ФЕН  
Резников В.А.

  
подпись

«10» октября 2020 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

**СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ БИОЛОГИИ:  
БИОИНФОРМАТИКИ СТРУКТУР МАКРОМОЛЕКУЛ**

направление подготовки: 06.04.01 Биология

направленность (профиль): Биология

Форма обучения: очная

Разработчики:

д.б.н. профессор, академик РАН Н.А. Колчанов

к.б.н., доцент Афонников Д.А.

Зав.каф. информационной биологии  
академик РАН Колчанов Н.А.

Руководитель программы:

д.б. н., профессор Рубцов Н.Б.



Новосибирск, 2020

## Содержание

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы.....	3
2. Место дисциплины в структуре образовательной программы .....	4
3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося .....	4
4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий.....	5
5. Перечень учебной литературы .....	5
6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся ..	6
7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины .....	6
8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине .....	6
9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине .....	7
10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.....	7

**1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы**

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
ОПК-3 Готовность использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач	- основные базы данных в области структурной компьютерной биологии	- конструировать простые и сложные запросы к базам данных с целью получения необходимой информации в наиболее удобном для дальнейшего использования формате	- методами теоретического компьютерного анализа данных по теме исследования с помощью стандартных Интернет-доступных программ
ОПК-9 Способность профессионально оформлять, представлять и докладывать результаты научно-исследовательских и производственно-технологических работ по утвержденным форма	- основные подходы в области компьютерных методов распознавания образов и классификации		- навыками интерпретации полученных результатов в контексте задач, поставленных на начальных этапах исследования
ПК-3 Способность применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований, использовать современную аппаратуру и вычислительные комплексы (в соответствии с направленностью (профилем) программы магистратуры)		- оценивать полезность и выбирать информационные ресурсы, содержащие необходимые для анализа данные, - проводить поиск белковых структур в базах и банках данных макромолекул	
ПК-4 Способность		- визуализировать и анализировать	- современными методами

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
генерировать новые идеи и методические решения		структурные свойства белков	предсказания и сравнения пространственной структуры белка

## 2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплины (практики), изучение которых необходимо для освоения дисциплины  
**Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул:**

- Молекулярная биология (молекулярные механизмы реализации генетической информации, репликации, репарации);
- Математическая статистика (статистический анализ данных и методы машинного обучения; геометрия),
- Эволюционная биология I: теория молекулярной эволюции (эволюция генетических макромолекул),
- Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы анализа генетических текстов (сравнение и анализ последовательностей генетических макромолекул, базы данных в области молекулярной биологии).

Дисциплины (практики), для изучения которых необходимо для освоения дисциплины  
**Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул:**

- Экспериментальные и компьютерные методы анализа биоразнообразия,
- При подготовке выпускной квалификационной работы

## 3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося

Трудоемкость дисциплины – 3 з.е. (108 ч)

Форма промежуточной аттестации: 2 семестр – экзамен

№	Вид деятельности	Семестр
		2
1	Лекции, ч	14
2	Практические занятия, ч	26
3	Лабораторные занятия, ч	
4	Занятия в контактной форме, ч, из них	44
5	из них аудиторных занятий, ч	40
6	в электронной форме, ч	
7	консультаций, час.	2
8	промежуточная аттестация, ч	2
9	Самостоятельная работа, час.	64
10	Всего, ч	108

**4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий**

**2 семестр**  
Лекции (14 ч)

Наименование темы и их содержание	Объем, час
Раздел 1 Введение	
1. Математическая статистика	1
2. Методы анализа данных	1
3. Методы и алгоритмы анализа структуры многомерных данных	1
Раздел 2 Пространственные структуры белков, методы их сравнения	
1. Пространственные структуры белков	2
2. Методы сравнения пространственных структур белков	2
Раздел 3 Алгоритмы и программы предсказания структуры белка	
1. Алгоритмы и программы предсказания структуры белка: предсказание вторичной структуры белка и матриц контактов	1
2. Алгоритмы и программы предсказания структуры белка: предсказание трехмерной структуры белка	1
Раздел 3 Белок-белковые взаимодействия, методы их предсказания	
1. Белок-белковые взаимодействия: особенности структуры белок-белковых комплексов	1
2. Методы предсказания белок-белковых взаимодействий. Эволюция белков в составе полных геномов	1
3. Структурная организация активных сайтов белков	1
Раздел 4. Введение в проблему конструирования лекарственных препаратов	
1. Введение в проблему конструирования лекарственных препаратов	1
2. Компьютерные методы молекулярного дизайна биологически активных веществ	1

**Практические занятия (26 ч)**

Содержание практического занятия	Объем, час
Семинары и практические задания по темам раздела 1	4
Семинары и практические задания по темам раздела 2	6
Семинары и практические задания по темам раздела 3	6
Семинары и практические задания по темам раздела 4	6
Итоговая проверочная работа	4

**Самостоятельная работа студентов (64 ч)**

Перечень занятий на СРС	Объем, час
Подготовка к семинарам.	32
Подготовка к итоговой проверочной работе	12
Подготовка к экзамену	20

**5. Перечень учебной литературы**

**5.1 Основная литература**

1. Финкельштейн А.В., Птицин О.Б. Физика белка. – Москва, Книжный дом Университет, 2002.
2. Дурбин Р., Эдди Ш., Крэг А., Митчисон Г. Анализ биологических последовательностей. – Москва, РХД, 2006
3. Леск А. Введение в биоинформатику. – Москва, Бином, 2009
4. Шульц, Ширмер (1984) Принципы структурной организации белков. М.: Мир, 1982.
5. Галушкин А. Нейронные сети. Основы теории. – М. Горячая Линия – Телеком, 2010

### **5.2 Дополнительная литература**

6. Тадеусевич Р., Боровик Б., Гончаж Т., Леппер Б. Элементарное введение в технологию нейронных сетей с примерами программ – Москва, Горячая Линия – Телеком, 2011

## **6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся**

7. Материалы на сайте кафедры информационной биологии ФЕН НГУ

## **7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины**

Освоение дисциплины используются следующие ресурсы:

- электронная информационно-образовательная среда НГУ (ЭИОС);
- образовательные интернет-порталы;
- информационно-телекоммуникационная сеть Интернет.

Взаимодействие обучающегося с преподавателем (синхронное и (или) асинхронное) осуществляется через личный кабинет студента в ЭИОС, электронную почту.

### **7.1 Современные профессиональные базы данных:**

- Банк данных PDB – url: <http://www.pdb.org>
- Программа PSIPRED для предсказания вторичной структуры белка – url: <http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/psiform.html>
- Программа сравнения пространственных структур – url: <http://cl.sdsc.edu/ce.html>
- Программа визуализации структур белков AccelrysDiscoveryStudio -url - <http://accelrys.com/products/discovery-studio/>

### **7.2. Информационные справочные системы**

Не используются

## **8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине**

8.1 Перечень программного обеспечения  
ОС Windows и Microsoft Office

8.2 Информационные справочные системы  
Не используются

## **9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине**

Для реализации дисциплины **Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул** используются специальные помещения:

1. Учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, курсового проектирования (выполнения курсовых работ), групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля, промежуточной и итоговой аттестации;

2. Помещения для самостоятельной работы обучающихся;

Учебные аудитории укомплектованы специализированной мебелью и техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду НГУ.

Для проведения занятий лекционного типа предлагаются следующие наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий:

- комплект лекций-презентаций по темам дисциплины;

Материально-техническое обеспечение образовательного процесса по дисциплине для обучающихся из числа лиц с ограниченными возможностями здоровья осуществляется согласно «Порядку организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья в Новосибирском государственном университете».

## **10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине**

Перечень результатов обучения по дисциплине **Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул** и индикаторов их достижения представлен в виде знаний, умений и владений в разделе 1.

### ***10.1 Порядок проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине***

#### ***Текущий контроль успеваемости:***

Формой текущего контроля при прохождении дисциплины **Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул** является контроль посещаемости занятий, сдача отчетов о выполнении практических заданий, написание итоговой проверочной работы по всем пройденным разделам курса.

#### ***Промежуточная аттестация:***

Для того чтобы быть допущенным к экзамену, студент должен выполнить следующее:

- в ходе прохождения дисциплины посетить не менее 50 % занятий;
- сдать все отчеты о выполнении практических заданий;
- написать на положительную оценку итоговую проверочную работу.

**Описание критериев и шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине *Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул***

Таблица 10.1

<b>Код компетенции</b>	<b>Результат обучения по дисциплине</b>	<b>Оценочное средство</b>
ОПК-3	Знание основных баз данных в области структурной компьютерной биологии	Итоговая проверочная работа Экзамен
	Умение конструировать простые и сложные запросы к базам данных с целью получения необходимой информации в наиболее удобном для дальнейшего использования формате	Итоговая проверочная работа Экзамен
	Владение методами теоретического компьютерного анализа данных по теме исследования с помощью стандартных Интернет-доступных программ	Итоговая проверочная работа Экзамен
ОПК-9	Знание основных подходов в области компьютерных методов распознавания образов и классификации	Итоговая проверочная работа Экзамен
	Владение навыками интерпретации полученных результатов в контексте задач, поставленных на начальных этапах исследования	Итоговая проверочная работа Экзамен
ПК-3	Умение оценивать полезность и выбирать информационные ресурсы, содержащие необходимые для анализа данные, - проводить поиск белковых структур в базах и банках данных макромолекул	Итоговая проверочная работа Экзамен
ПК-4	Умение визуализировать и анализировать структурные свойства белков	Итоговая проверочная работа
	Владение современными методами предсказания и сравнения пространственной структуры белка	Итоговая проверочная работа Экзамен

Таблица 10.2

<b>Критерии оценивания результатов обучения</b>	<b>Шкала оценивания</b>
<p><b><u>Итоговая проверочная работа :</u></b> – точность ответа, отсутствие ошибок.</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b> – владение теоретическим и фактическим материалом, – полнота понимания и изложения материала, отсутствие затруднений в объяснении алгоритмов и методов, а также при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий, – наличие исчерпывающих ответов на дополнительные вопросы. При изложении ответа на вопрос(ы) экзаменационного билета обучающийся может допустить непринципиальные неточности.</p>	<i>Отлично</i>
<p><b><u>Итоговая проверочная работа :</u></b></p>	<i>Хорошо</i>



<p>– не менее 80% ответов должны быть правильными.</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b></p> <p>– владение теоретическим и фактическим материалом, ,</p> <p>– полнота понимания и изложения материала, отсутствие затруднений в объяснении алгоритмов и методов, а также при формулировке собственных суждений,</p> <p>– точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок,</p> <p>– наличие полных ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок.</p>	
<p><b><u>Итоговая проверочная работа:</u></b></p> <p>– не менее 50% ответов должны быть правильными.</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b></p> <p>– неуверенное владение теоретическим и фактическим материалом,</p> <p>– самостоятельность и осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации, в объяснении алгоритмов и методов, а также затруднений при формулировке собственных суждений,</p> <p>– корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок,</p> <p>– наличие неполных и/или содержащих существенные ошибки ответов на дополнительные вопросы.</p>	<p><i>Удовлетворительно</i></p>
<p><b><u>Итоговая проверочная работа:</u></b></p> <p>– присутствие многочисленных ошибок (более 70% ответов содержат ошибки).</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b></p> <p>– фрагментарное и недостаточное владение теоретическим и фактическим материалом,</p> <p>– отсутствие осмысленности, структурированности, логичности и аргументированности в изложении материала,</p> <p>– грубые ошибки в применении терминов и понятий,</p> <p>– отсутствие ответов на дополнительные вопросы.</p>	<p><i>Неудовлетворительно</i></p>

***Типовые контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения***

***Примерные темы практических заданий***

- Базы и банки данных структур макромолекул и системы доступа к ним.
- Методы анализа структурных характеристик белков. Программы WhatIf, DSSP, база данных DSSP.
- Множественное выравнивание белковых последовательностей. Программы выравнивания в Интернет (CLUSTALW), программы визуализации (JalView). Базы данных множественных выравниваний HSSP и Pfam.
- Филогенетический анализ белковых последовательностей. Программы CLUSTAL и Phylip.
- Программы сравнения белковых структур. Программа CE. Базы и банки данных классификации белковых структур (CATH, SCOP, FSSP).
- Анализ активных сайтов белков. База данных Prosite. Поиск сайтов в аминокислотной последовательности. Анализ структурных особенностей активных сайтов.
- Программы предсказания белковых структур (предсказание вторичной, третичной структуры, распознавание типа укладки).
- Методы предсказания вторичной структуры РНК.

***Примеры контрольных вопросов к итоговой проверочной работе***

1. Точечные оценки. Свойства оценок. Методы нахождения оценок.
2. Критерии согласия. Критерий Хи квадрат.
3. Понятие образа. Проблема обучения распознаванию образов, геометрический и структурный подход. Гипотеза компактности.
4. Обучение и адаптация. Понятие нейронной сети. Алгоритм обратного распространения ошибки (Backpropagation network). Сети Хопфилда и Хэмминга.
5. Сети Хебба и Кохонена. Кластерный анализ. Меры близости объектов. Критерии качества разбиения.
6. Иерархическое группирование. Гипотеза лямбда-компактности. Алгоритм лямбда-КРАБ.
7. Основные взаимодействия, определяющие пространственную структуру белка: Валентные взаимодействия, Ван-Дер\_вальсовские взаимодействия, Кулоновские взаимодействия. Водородные связи, гидрофобные взаимодействия. Влияние мутаций на стабильность белка.
8. Иерархия структурной организации белка. Первичная, вторичная, третичная и четвертичная структуры. Основные классы белков. Банк данных пространственных структур белков: содержание основной информации.
9. Структурное выравнивание белков. Постановка задачи. Основные геометрические преобразования. RMSD - мера сходства структур белков. Алгоритм структурного выравнивания Strucal. Основные идеи алгоритмов DALI и CE. Статистическая значимость структурного выравнивания, z-score.

10. Сходство последовательностей и структур. Структурные классы белков. Упрощенное описание белковых структур: укладка, мотив укладки, упаковка. Системы классификации пространственных структур белков: FSSP, SCOP, CATH. Особенности построения.
11. Вторичная структура белка. Способы определения типа вторичной структуры по координатам атомов. Алгоритм и программа DSSP. Методы предсказания вторичной структуры: постановка задачи, оценка точности, Методы Чоу- фасмана и Гарнье.
12. Методы предсказания вторичной структуры при помощи нейронных сетей. Описание алгоритма. Описание формирования входных и выходных параметров сети. Алгоритмы PHD и PSI-PRED. Ограничения методов предсказания вторичной структуры белка.
13. Алгоритмы предсказания контактов аминокислотных остатков в белках. Постановка задачи, основные подходы.
14. Алгоритмы предсказания трехмерной структуры белка. Моделирование по гомологии и abinitio. Основные этапы моделирования структуры белка по гомологии. Моделирование боковых групп. Моделирование петель. Основные факторы, влияющие на точность модели. Программы, позволяющие проводить моделирование белка по гомологии.
15. Белковые комплексы. Представление информации о белковых комплексах в PDB. Биологические единицы структур белков. Типы белковых комплексов и их классификация. Структурная классификация белковых комплексов.
16. Характеристики белок-белковых интерфейсов. Особенности геометрических характеристик белковых интерфейсов. Физико-химические характеристики интерфейсов. Предсказание интерфейсов в пространственных структурах белков.
17. Предсказание белок-белковых взаимодействий по первичной структуре белков. Методы, основанные на сходстве филогении. Метод с учетом коррелированных мутаций. Метод слияния.
18. Предсказание белок-белковых взаимодействий по первичной структуре белков. Метод геномного расстояния. Алгоритм PIPE. Дубликации генов. Ортологи и паралоги. Кластеры ортологических групп белков. Предсказание белок-белковых взаимодействий методом филогенетических профилей.
19. Классификация функциональных сайтов белков. Методы распознавания функциональных сайтов белков: методы, основанные на анализе множественного выравнивания гомологичных белков; паттерны; весовые матрицы; нейронные сети; методы теории графов;
20. Базы данных по пространственным структурам функциональных сайтов. Методы распознавания функциональных сайтов в структурах белков: методы структурного выравнивания, молекулярный докинг.
21. Понятие мишеней для воздействия лекарственных препаратов. Классификация мишеней по уровням их структурно-функциональной организации.
22. Основные стадии процесса конструирования лекарственных препаратов. Поиск и конструирование соединений-лидеров(lead-compounds). Систематический скрининг. Направленный поиск. Разработка лекарственного соединения.

23. Задачи улучшения фармацевтических и фармакокинетических свойств соединения-лидера. Основные подходы. Биозостерические соединения, пролекарства (pro-drug), <мягкие лекарства> (softdrugs), <двойные лекарства> (twindrugs).

24. Оптимизация соединения-лидера. Основные методы оптимизации соединения-лидера. QSAR. Основные дескрипторы, наиболее часто применяемые в QSAR. Сравнительный анализ молекулярных полей COMFA.

### *Примеры вопросов для подготовки к экзамену*

#### Билет 1

1) Предмет и основные задачи молекулярной эволюции. Объект исследования молекулярной эволюции. Математические модели единичных замен на примере ДНК (мутационные события, матрицы замен).

2) Классификация функциональных сайтов; Специфические особенности структурной организации активных центров ферментов, сайтов связывания лигандов, сайтов пост-трансляционной модификации; Антигенные детерминанты как класс сайтов белок-белковых взаимодействий; Конформационные и линейные эпитопы;

#### Билет 2

1) Модели эволюции белковых последовательностей. Влияние мутаций на структуру и функцию белков. Нейтральная теория Кимуры.

2) Методы распознавания сайтов связывания с использованием афинной селекции из комбинаторных библиотек пептидов; фаговый дисплей; Компьютерные методы распознавания функциональных сайтов: методы, основанные на анализе множественного выравнивания гомологичных белков; паттерны; весовые матрицы; нейронные сети; методы теории графов; методы структурного выравнивания.

#### Билет 3

1) Множественное выравнивание аминокислотных последовательностей. Методы и программы множественного выравнивания аминокислотных последовательностей. Базы данных множественного выравнивания аминокислотных последовательностей.

2) Методы анализа взаимосвязи структура-активность для малых молекулярных соединений QSAR, 3DQSAR, COMFA. Качественное и количественное описание активности. Структурные, геометрические, стерические и электронные параметры. Физико-химические характеристики. Топологические индексы.

#### Билет 4

1) Филогенетический анализ белковых последовательностей. Основные методы построения филогенетических деревьев. Особенности эволюции белков и методы их учета при построении математических моделей. Координированные замены остатков.

2) «Физические» модели в анализе связи «структура-активность». Метод Ханша. Соотношения линейности свободной энергии. Аддитивная модель Фри-Уильсона. Регрессионные методы в анализе связи «структура-активность». Методы анализа взаимосвязи структура-активность для белков.

#### Билет 5

1) Выравнивание белковых структур. Постановка задачи. Основные понятия о геометрических преобразованиях: сдвиг, поворот, центр масс, главные оси.

2) «Жизненный цикл» белков: синтез белка; функционирование белка; (основные типы белков, и их локализация); распад белка (основные пути распада, введение в биологию убиквитин-зависимого протеасомного протеолиза).

Билет 6

1) Методы сравнения белковых структур. Классификация белковых структур. Базы данных SCOP, FSSP.

2) Принципы регуляции содержания белков в клетке.

Билет 7

1) Влияние мутаций на структуру белка.

2) Эволюция протеолитической машины. Структура и эволюция протеасомы. Основные представления о функционировании протеасом. Роль белок-белковых взаимодействий в функционировании протеасомы.

Билет 8

1) Сравнение эволюции последовательностей и структур белков. Пространство белковых структур.

2) Модели в изучении протеасомного протеолиза. Эволюция системы убиквитинизации. Основные представления о функционировании каскада убиквитинизации. Белок-белковое узнавание при убиквитинизации – основа регуляции деградации белков в клетке. Деградация белковых комплексов. Модели в изучении системы убиквитинизации.

Билет 9

1) Классификация методов предсказания структуры белка. Методы предсказания вторичной структуры белка.

2) Вторичная структура РНК, ее основные элементы.

Билет 10

1) Методы предсказания пространственной структуры белка. Методы предсказания типа укладки белка. Программы предсказания доступные через Интернет

2) Термодинамические методы предсказания вторичной структуры РНК.

Билет 11

1) Особенности геномной эволюции. Дупликации генов и возникновение новой функции. Ортологи и паралоги.

2) Принципы эволюции вторичной структуры РНК.

Билет 12

1) Сравнение скоростей эволюции белковых семейств в полных геномах бактерий. Белки как участники геномной сети. Белок-белковые взаимодействия. Особенности эволюции мультидоменных белков и белков, формирующих комплексы.

2) Сравнительный и лингвистический подходы к предсказанию структуры РНК.

Оценочные материалы по промежуточной аттестации (приложение 2), предназначенные для проверки соответствия уровня подготовки по дисциплине требованиям ФГОС, хранятся на кафедре-разработчике РПД в печатном и электронном виде.