



МИНОБРНАУКИ РОССИИ

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования

«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

ФГБОУ ВО «ИГУ»

Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики



Рабочая программа дисциплины

Наименование дисциплины: Б1.В.19 «ДНК МЕТАБАРКОДИНГ»

Направление подготовки: 06.03.01 «Биология»

Специальность: 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биолого-почвенного
факультета
Протокол № 4 от 20.03.2024
Председатель А. Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой физико-химической
биологии, биоинженерии и биоинформатики
Протокол № 15 от 17.04.2024
Зав. кафедрой В.П. Саловарова

Иркутск 2024 г.

Содержание

	стр.
I. Цель и задачи дисциплины	3
II. Место дисциплины в структуре ОПОП	3
III. Требования к результатам освоения дисциплины	3
IV. Содержание и структура дисциплины	7
4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов	
4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине	
4.3 Содержание учебного материала	
4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ	
4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение в рамках самостоятельной работы студентов	
4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов	
4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов)	
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины	14
а) перечень литературы	
б) периодические издания	
в) список авторских методических разработок	
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы.....	
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины	17
6.1. Учебно-лабораторное оборудование	
6.2. Программное обеспечение	
6.3. Технические и электронные средства обучения	
VII. Образовательные технологии	20
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации	21

I. Цель и задачи дисциплины:

Цель: Изучить принципы работы методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга как современных подходов идентификации видов и исследования таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.

Задачи:

- изучить вопросы, связанные с применением различных генетических маркеров для видовой идентификации организмов, освоит принципы получения информации о генетических маркерах с помощью технологии секвенирования по Сенгеру и технологий секвенирования нового поколения (HTS - High-throughput sequencing);
- изучить способы основные базы данных и принципы работы с ними для идентификации видов на основе маркерных генетических последовательностей;
- освоить методы анализа данных HTS - High-throughput sequencing при проведении ДНК-метабаркодинга с использованием высокопроизводительных вычислений;
- изучить методы анализа результатов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга при сравнении нескольких сообществ;
- освоить комплекс возможностей методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга для практического применения.

II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО

2.1. Учебная дисциплина Б1.В.19 «ДНК метабаркодинг» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений.

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами: «Математика», «Физика», «Информатика», «Экология», «Иностранный язык», «Спецглавы математики», «Генетика», «Молекулярная генетика», «Алгоритмы биоинформатики».

2.3. Перечень последующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: выполнение ВКР.

III. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Процесс освоения дисциплины направлен на формирование компетенций в соответствии с ФГОС ВО и ОП ВО по данному направлению подготовки 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»:

ПК-1: Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам

Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с индикаторами достижения компетенций

Компетенция	Индикаторы компетенций	Результаты обучения
<p><i>ПК-1</i> Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам</p>	<p><i>ИДК ПК-1.1</i> Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности</p>	<p>Знать: литературу по теме, владеть навивками, анализа информации сети «интернет» для поиска и освоения новых методов в эволюционной биологии ДНК-баркодинге и ДНК-метабаркодинге. Уметь: выбирать оптимальные методы и программы и базы данных в области ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Владеть: методами построение сложных алгоритмов, в составлении конвейеров программ для сравнительного анализа ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга.</p>
	<p><i>ИДК ПК-1.2</i> Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p>Знать: классификацию алгоритмов, и баз данных для анализа результатов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Уметь: анализировать входные и выходные данные в ходе исследований, проводимых с применением методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Владеть: навыками комбинации методов и информации из баз данных для практической реализации освоенных алгоритмов и программных комплексов.</p>
	<p><i>ИДК ПК-1.3</i> Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач профессиональной деятельности</p>	<p>Знать: спектр молекулярных маклеров их классификацию и ограничения при планировании исследований с применением методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Уметь: осуществить автоматизированный поиск информации в баз данных при анализе данных и результатов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга. Владеть: методами анализа комплексных биологических данных с использованием методов ДНК-баркодинга и ДНК-метабаркодинга.</p>

IV. СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Объем дисциплины составляет 2 зачетных единицы, 72 часов.

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 26 часов.

Форма промежуточной аттестации: зачет.

4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов

№ п/н	Раздел дисциплины/тема	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)				Форма текущего контроля успеваемости/ Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися			Самостоятельная работа	
					Лекция	Семинар/ Практическое, лабораторное занятие/	Консультация		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	Тема 1. Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг.	9	8	2	2	2		4	Опрос КСР
2	Тема 2. Базы и банки данных в ДНК-баркодинге.	9	8	2	2	2		4	Опрос КСР
3	Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ.	9	14	4	4	4		6	Опрос КСР
4	Тема 4. Анализ данных ДНК-метабаркодинга, подход с использованием	9	12	4	4	4		4	Опрос КСР

	высокопроизводительных вычислений.								
5	Тема 5. Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга.	9	12	4	4	4		4	Опрос КСР
6	Тема 6. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.	9	8	4	2	2		4	Опрос КСР

4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
9	Тема 1. Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних заданий по теме анализ генетических дистанций между маркерными последовательностями, идентификация видов на основе близости генетических дистанций.	1	4	Письменная работа КСР	Раздел 5 а-г
9	Тема 2. Базы и банки данных в ДНК-баркодинге	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних заданий по идентификации видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе алгоритмов парного выравнивания.	2	4	Письменная работа КСР	- « -

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
9	Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних задание по предварительной подготовки и анализу качества последовательностей ДНК полученных в ходе секвенирования нового поколения.	4	6	Письменная работа КСР	- « -
9	Тема 4. Анализ данных ДНК-метабаркодинга, подход с использованием высокопроизводительных вычислений	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних задание по анализу выделению и таксономической идентификации кластеров последовательностей видового уровня при ДНК-метабаркодинге.	5	4	Письменная работа КСР	- « -
9	Тема 5. Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашних задание по оценки сходимости результатов ДНК-метабаркодинга и анализу таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.	6	4	Письменная работа КСР	- « -

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
9	Тема 6. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.	1. Разбор темы лекции и практического занятия. 2. Подготовка по контрольным вопросам. 3. Решение домашнего задания по теме использования кластерного анализа и методов снижения размерности многомерных массивов данных при сравнении таксономического состава сообществ нескольких образцов, полученных при ДНК-метабаркодинге.	8	4	Письменная работа КСР	- « -
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – 26						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 26 часов.						

4.3 Содержание учебного материала

Тема 1. Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг.

В рамках темы рассматриваются различные ДНК маркеры, которые применяются для видовой идентификации организмов различных таксономических групп прокариот (бактерий и архей), микроэкариот, многоклеточных животных, многоклеточных растений и грибоподобных организмов. Изучается вопрос о сравнении маркерных последовательностей путём расчетов генетических дистанций, обсуждаются пороги дистанций, позволяющие идентифицировать родство сравниваемых организмов по маркерным последовательностям. Рассматриваются программное обеспечение и программные пакеты для выравнивания маркерных ДНК последовательностей и расчёта генетических дистанций.

Тема 2. Базы и банки данных в ДНК-баркодинге.

В рамках темы рассматриваются различные базы данных содержащих библиотеки маркерных последовательностей ДНК организмов с известным таксономическим статусом – базы данных бактерий и архей, микроэкариот, многоклеточных животных, многоклеточных растений и грибоподобных организмов. Изучаются алгоритмы сравнения пользовательских последовательностей с маркерными последовательностями из баз данных, основанные на использовании парного выравнивания. Изучаются вопросы скачивания и анализа баз данных маркерных генов с применением высокопроизводительных вычислений.

Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии секвенирования ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ.

Рассматриваются варианты применения технологий секвенирования ДНК нового поколения (HTS - High-throughput sequencing) для изучения таксономического состава сообществ микроорганизмов на основе массовой параллельной расшифровки маркерных нуклеотидных последовательностей. Изучаются вопросы, связанные с анализом качества расшифровки ДНК. Рассматриваются программы для первичной обработки результатов секвенирования, анализа качества и фильтрации данных.

Тема 4. Анализ данных ДНК-метабаркодинга, подход с использованием высокопроизводительных вычислений.

В рамках темы рассматриваются различные варианты программ и конвейеров по анализу данных ДНК-метабаркодинга, производящих процедуру кластеризацию последовательностей и выделения групп соответствующих кластерам видового уровня. Приводятся примеры анализа данных с использованием высокопроизводительных вычислений. Рассматриваются процедуры таксономической идентификации кластеров последовательностей видового уровня путем сравнения маркерных фрагментов ДНК с базами данных.

Тема 5. Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэкариот с применением ДНК-метабаркодинга.

Рассматриваются варианты анализа данных, позволяющих определить достаточность размера выборки расшифрованных маркерных последовательностей ДНК при анализе определенного образца для охвата всего возможного видового разнообразия микроорганизмов. Изучаются различные варианты графической оценки для сравнения показателей таксономического разнообразия нескольких анализируемых образцов. Рассматриваются варианты расчётов различных индексов таксономического разнообразия.

Изучаются возможности языка программирования R для проведения расчетов и визуализации данных о таксономическом разнообразии нескольких сообществ.

Тема 6. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.

В рамках темы рассматриваются различные варианты кластерного анализа с применением различных подходов и метрик дистанций для сравнения нескольких образцов по таксономическому составу сообществ на основе результатов ДНК-метабаркодинга. Изучается возможность использования методов снижения размерности многомерных массивов данных для сравнения нескольких сообществ микроорганизмов. Рассматриваются варианты визуализации данных по нескольким сообществам с применением тепловых карт и пузырьковых диаграмм. Изучаются возможности языка программирования R для проведения расчетов по кластерному анализу, применению методов снижения размерности и построению тепловых карт.

4.3.1. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/н	№ раздела и темы	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (час.)		Оценочные средства	Формируемые компетенции (индикаторы)*
			Всего часов	Из них практическая подготовка		
1	2	3	4	5	6	7
1	Тема 1	Решение задания по теме анализ генетических дистанций между маркерными последовательностями, идентификация видов на основе близости генетических дистанций	2	2	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
2	Тема 2	Решение задания по идентификации видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе алгоритмов парного выравнивания.	2	2	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
3	Тема 3	Решение задания по идентификации видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе	4	4	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>

		алгоритмов парного выравнивания.				
4	Тема 4	Решение задание по анализу выделению и таксономической идентификации кластеров последовательностей видового уровня при ДНК-метабаркодинге.	4	4	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
5	Тема 5	Решение задание по оценки сходимости результатов ДНК-метабаркодинга и анализу таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.	4	4	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
6	Тема 6	Решение задание по теме использование кластерного анализа и методов снижения размерности многомерных массивов данных при сравнении таксономического состава сообществ нескольких образцов, полученных при ДНК-метабаркодинге.	2	2	Опрос КСР	ПК-1 <i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>

4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение студентами в рамках самостоятельной работы (СРС)

№ п/п	Тема	Задание	Формируемая компетенция	ИДК
1.	Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ.	Самостоятельной изучение темы «ДНК-метабаркодинг в биомедицинских исследованиях» Подготовка докладов по темам.	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>
3.	Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК	Самостоятельное изучение темы «Возможности ДНК-метабаркодинга в изучении таксономического состава сообществ многоклеточных животных». Подготовка	ПК-1	<i>ИДК ПК 1.1</i> <i>ИДК ПК -1.2</i> <i>ИДК ПК -1.3</i>

	нового поколения для исследования таксономического состава сообществ.	докладов по темам.		
--	---	--------------------	--	--

4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов

Самостоятельная работа студентов является составной частью учебного процесса и имеет целью закрепление и углубление полученных знаний и навыков, поиск и приобретение новых знаний, а также выполнение учебных заданий, подготовку к предстоящим занятиям, и экзамену по предмету.

Для организации самостоятельной работы по дисциплине «ДНК матабаркодирование» используются следующие формы самостоятельной учебной работы:

- Работа по изучению темы с использованием материалов практического занятия.
- Подбор, изучение, анализ рекомендованной литературы.
- Изучения тем занятий, вынесенных на самостоятельное изучение, подготовка устных докладов по темам.
- Самостоятельное изучение программного обеспечения для выполнения задач по анализу данных ДНК матабаркодирования.
- Самостоятельное решения домашних задач по анализу данных на основе опыта, полученного на практических занятиях.
- Подготовка письменных отчетов по решению домашних задач.
- Подготовка к зачету.

Письменный отчет по решению домашних заданий – это отчет о выполнении домашнего задания по темам дисциплины, содержащий следующую информацию:

- Ф.И.О. номер группы студента;
- номер задания;
- формулировка задания;
- список программного обеспечения и интернет сервисов и баз данных, применяемых для решения задания с указанием параметров для запуска;
- описание результат решения задания с приведением таблиц и рисунков в соответствии с формулировкой задания.

Критерий оценки отчета по решению домашнего задания:

- Оценка «зачтено». Задание выполнено правильно и в полном объеме, все таблицы и графики согласно формулировке задания предоставлены в отчете.
- Оценка «не зачтено». Задание выполнено не правильно или не в полном объеме, вопрошается на переделку и доработку.

Устный доклад – это сообщение в течение 10-15 мин, в котором студент в лаконичной форме должен изложить материал по соответствующей теме, придерживаясь следующего плана: введение, основная часть, заключение. Доклад сопровождается презентацией, отражающей основные положения по соответствующей теме, включающей наглядные материалы (схемы, таблицы, фото и т.д.). По окончании доклада студенту задают вопросы, как преподаватель, так и студенты, на которые докладчик должен дать исчерпывающие ответы.

Критерии оценивания устного доклада:

- Оценка «отлично». В докладе полностью раскрыта тема, проанализировано современное состояние вопроса; студент свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, соблюдая основные правила культуры речи. Доклад сопровождается презентацией, которая отражает основные положения доклада, презентация составлена грамотно с соблюдением общих требований, правил шрифтового оформления, подачи графического материала, имеются ссылки на приведенные фото,

рисунки, схемы и т.д., приводится список использованной литературы. При обсуждении доклада студент дает исчерпывающие, аргументированные, корректные ответы на вопросы.

- Оценка «хорошо». Тема раскрыта, приведено достаточное количество материала, но при этом материал в недостаточной степени проанализирован автором. Презентация не в полной степени соответствует общим требованиям. Ответы студента не на все вопросы являются исчерпывающими и аргументированными.

- Оценка «удовлетворительно». Тема раскрыта не полно, материал приведен как простая констатация фактов, не проанализирован, студент показывает поверхностные знания. Презентация частично соответствует установленным требованиям. При обсуждении доклада студент не всегда дает правильные, исчерпывающие ответы на задаваемые вопросы.

- Оценка «неудовлетворительно». Тема доклада не раскрыта, скудный объем приведенных материалов; презентация отсутствует. При обсуждении доклада студент не дает ответы или они не соответствуют заданным вопросам.

4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов): не предусмотрены учебным планом.

V. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

а) перечень литературы

1. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - ISBN 978-5-94774-501-6 (8 экз.)
2. Приставка А. А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / А. А. Приставка, В. П. Саловарова - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - Ч. 1 : Белки. - 2013. - 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7 (69 экз.)
3. Белькова Н.Л. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / Н. Л. Белькова. - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - ISBN 978-5-9624-0956-6. Ч. 2 : Нуклеиновые кислоты. - 2014. - 155 с. - ISBN 978-5-9624-1184-2 (39 экз.)

б) дополнительная литература

1. Игнасимуту С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту ; пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Ин-т компьютер. исслед., 2007. - 316 с. - ISBN 978-5-93972-620-7 (1 экз.)
2. Каменская М.А. Информационная биология / М.А. Каменская. - М.: Академия, 2006. - 361 с. - ISBN 5-7695-2580-0 (8 экз.)
3. Компьютеры и суперкомпьютеры в биологии / Под ред. В.Д. Лахно, М.Н. Устинин. - Москва-Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2002. - 528 с. - ISBN 5-93972-188-5 (2 экз.)
4. Математические методы для анализа последовательностей ДНК. / Под ред. М.С. Уотермена, перевод с англ. - М.: Мир, 1999. - 349 с. - ISBN 5030025200 (1 экз.)
5. Паун Г. ДНК-компьютер. Новая парадигма вычислений / Г. Паун, Г. Розенберг, А. Саломаа ; Пер. с англ. Д. С. Ананичева, И. С. Киселевой, О. Б. Финогеновой, ред. М. В. Волков. - М. : Мир, 2004. - 527 с. - ISBN 5-03-003480-3 (1 экз.)
6. Структура и функционирование белков: применение методов биоинформатики / пер. с англ.: В. Н. Новоселецкий, Е. Д. Балицкая, Т. В.

Науменкова ; ред. В. Н. Новоселецкий. - М. : УРСС : Ленанд, 2014. - 414 с. - ISBN 978-5-9710-0842-2. - ISBN 978-5-453-00057-9 (1 экз.)

7. Шипунов А. Б., Балдин Е. М., Волкова П.А., и др. Наглядная статистика. Используем R! Издательство: ДМК Пресс, 2014 – 300 с. Книга доступна в свободном доступе по ссылке: <http://ashipunov.info/shipunov/school/books/rbook.pdf>

в) периодические издания

1. <https://www.matbio.org/> - сайт журнала «Математическая биология и биоинформатика». Содержит большое количество статей в pdf – формате.
2. <https://journal.r-project.org/> - сайт журнала по статистическим методам на R, «The R Journal».

г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

1. <http://dmb.biophys.msu.ru> - Информационная система «Динамические модели в биологии», рассчитанная на широкий круг пользователей, включает в себя гипертекстовые документы и реляционные базы данных и обеспечивает унифицированный доступ к разнообразной информации по данной предметной области.
2. <http://www.jcabi.ru/> - сайт объединенного центра вычислительной биологии и биоинформатики
3. <http://mathmod.aspu.ru/> - Сайт совместной лаборатории Института математических проблем биологии Российской академии наук и Астраханского государственного университета
4. <http://www.exponenta.ru/> - образовательный математический сайт
5. <http://www.library.biophys.msu.ru/MathMod/BM.HTML> - книга Г.Ю. Ризниченко «Биология математическая»
6. <http://nature.web.ru/db/msg.html?mid=1156624&uri=index.htm> - Бейли Н.. Математика в биологии и медицине. – М.: Мир, 1970.
7. <http://www.biometrica.tomsk.ru/> - электронный журнал «Биометрика» для медиков и биологов – сторонников доказательной биомедицины. Содержит большое количество статей и иных материалов, посвященных математическим моделям в биологии.
8. <http://www.library.biophys.msu.ru/FominBerk/main.htm> - Фомин С.В., Беркинблит М.Б. Математические проблемы в биологии. - М.: Гаука, 1973. - 200 с.
9. <https://www.elibrary.ru> – электронная библиотека научных статей, монографии и материалов конференций, выпущенных Российскими учеными.
10. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> - международная база данных научных статей и монографий, посвященная различным вопросам биологии.
11. <https://apps.webofknowledge.com> – международная база данных, индексирующая научные публикации в высокорейтинговых изданиях

VI. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

6.1. Учебно-лабораторное оборудование:

- Аудитория для проведения занятий лабораторного типа. Компьютерный класс (учебная аудитория). Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блокAthlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор

Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. С неограниченным доступом к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации, учебно-наглядными пособиями, обеспечивающими тематические иллюстрации по дисциплине «Моделирование и программирование биопроцессов» в количестве 8 шт., презентации по каждой теме программы.

- Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы. Аудитория оборудована: специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блок Athlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQG955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; с неограниченным доступом к сети Интернет; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт. С неограниченным доступом к сети Интернет.

- Помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Аудитория оборудована: специализированной мебелью на 11 посадочных мест; Шкаф для документов - 3 шт.; Сейф – 1 шт.; Шкаф-купе - 2 шт.; Принтер цв. Canon LBR-5050 Laser Printer; Принтер Canon LBP-3010; Ноутбук Lenovo G580 – 1 шт.

6.2. Программное обеспечение:

DreamSpark Premium Electronic Software Delivery (3 years) Renewal (Windows 10 Education 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Windows 7 Professional with Service Pack 1 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Windows Server 2008 Enterprise and Standard without Hyper-V with SP2 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Access 2016 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Access 2010 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine). Договор №03-016-14 от 30.10.2014г.

Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition. 250-499. Форум Контракт №04-114-16 от 14ноября 2016г KES. Счет №РСЦЗ-000147 и АКТ от 23ноября 2016г Лиц.№1В08161103014721370444.

Microsoft Office Enterprise 2007 Russian Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 43364238.

Microsoft Windows XP Professional Russian Upgrade Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 41059241.

Office 365 профессиональный плюс для учащихся. Номер заказа: 36dde53d-7cdb-4cad-a87f-29b2a19c463e.

6.3. Технические и электронные средства:

Презентации по всем темам курса.

VII. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

При реализации различных видов учебной работы дисциплины используются как стандартные методы обучения, так и интерактивные формы проведения занятий.

Стандартные методы обучения:

1. Информационная лекция.
2. Практические занятия, предназначенные для освоения студентами базовых методов анализа данных в физико-химической экологии.
3. Самостоятельная работа студентов.
4. Консультации преподавателя.
5. Подготовка ответов на контрольные вопросы.
6. Обучения с применением интерактивных форм образовательных технологий.
7. Кейс-метод – обучение в контексте моделируемой ситуации, воспроизводящей реальные условия научной деятельности (разбор конкретных ситуаций).
8. Информационно-коммуникационные образовательные технологии – лекция-визуализация, представление результатов деятельности (рефератов и отчетов) с использованием специализированных программных сред.
9. Интернет-технология – задействование образовательного портала ИГУ - educa.isu.ru для предоставления письменных отчетов по домашним работам.

Наименование тем занятий с использованием активных форм обучения:

№	Тема занятия	Вид занятия	Форма / Методы интерактивного обучения	Кол-во часов
1	Тема 1. Использование маркерных нуклеотидных последовательностей для идентификации видов – ДНК-баркодинг	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
2	Тема 2. Базы и банки данных в ДНК-баркодинге	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
3	Тема 3. ДНК-метабаркодинг, использование технологии севенирвани ДНК нового поколения для исследования таксономического состава сообществ	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	6
4	Тема 4. Анализ данных метабаркодинга, подход с использованием высокопроизводительных вычислений	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
5	Тема 5. Анализ таксономического разнообразия сообществ прокариот и микроэукариот с применением ДНК-метабаркодинга	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4

6	Тема 6. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов с использованием кластерного анализа и методов многомерной математической статистики.	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
Итого часов				26

VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

В рамках дисциплины «Моделирование и программирование биопроцессов» используются следующие формы текущего контроля:

- устный опрос;
- устный доклад по теме для самостоятельного изучения;
- письменная работа по решению домашних заданий;

Фонд оценочных средств включает:

- перечень докладов по темам для самостоятельного изучения дисциплины;
- вопросы для самостоятельного изучения (СРС);
- задачи для самостоятельного домашнего решения;
- вопросы и билеты для зачета.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенции ПК-1 (см. п. III).

Перечень темы устных докладов

1. Тема 3. ДНК - метабаркодинг в исследовании кишечного микробиома человека.
2. Тема 3. ДНК – метабаркодинг в мониторинге микробных сообществ в окружающей среде.
3. Тема 3. ДНК метабаркодинг на основе митохондриального маркера CO1 для исследования разнообразия сообществ беспозвоночных животных.

Перечень вопросов для самостоятельного изучения

1. ДНК-метабаркодинг в биомедицинских исследованиях
2. Возможности ДНК-метабаркодинга в изучении таксономического состава сообществ многоклеточных животных.

Перечень домашних задания для самостоятельного выполнения

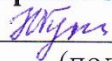
1. Тема 1. Анализ генетических дистанций между маркерными последовательностями, идентификация видов на основе близости генетических дистанций.
2. Тема 2. Идентификация видов путем сравнения их маркерных последовательностей с информацией их баз данных на основе алгоритмов парного выравнивания.
3. Тема 3. Предварительная подготовка и анализу качества последовательностей ДНК полученных в ходе секвенирования нового поколения.
4. Тема 4. Анализ, выделение и таксономическая идентификация кластеров

- последовательностей видового уровня при ДНК-метабаркодинге.
5. Тема 5. Оценка сходимости результатов ДНК-метабаркодинга и анализу таксономического разнообразия сообществ микроорганизмов.
 6. Тема 6. Использование кластерного анализа и методов снижения размерности многомерных массивов данных при сравнении таксономического состава сообществ нескольких образцов, полученных при ДНК-метабаркодинге.

Примерный перечень вопросов к зачету

1. ДНК-баркодинг как метод идентификации видовой принадлежности различных организмов?
2. Методы расчета генетических дистанций для различных маркерных генов, дистанции в ДНК и таксономическая близость организмов?
3. Базы данных маркерных генов для ДНК-баркодинга?
4. Использование алгоритмов попарного выравнивания маркерных последовательностей для идентификации видов по базам данных генетической информации?
5. Технологии секвенирования ДНК нового поколения и их применение ДНК - метабаркодинге?
6. Анализ качества прочтения данных воспроизводительного секвенирования ДНК, фильтрации данных по качеству прочтений?
7. Анализ и кластеризация данных ДНК - метабаркодинга, подход в выделении кластеров видового уровня на определённом пороге генетических дистанций?
8. Анализ данных ДНК – метабаркодинга, подход с выделением и идентификацией уникальных генотипов?
9. Анализ сходимости данных ДНК – метабаркодинга при исследовании сообществ микроорганизмов?
10. Анализ таксономического разнообразия в различных образцах при исследовании сообществ микроорганизмов методом ДНК – метабаркодинга.
11. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов по таксономическому составу при помощи кластерного анализа?
12. Сравнительный анализ нескольких сообществ микроорганизмов по таксономическому составу при помощи методов снижения размерности данных?
13. Визуализация данных о таксономическом составе нескольких сообществ при помощи тепловых карт?
14. Визуализация данных о таксономическом составе нескольких сообществ при помощи пузырьковых диаграмм?

Разработчик:

 _____ доцент Букин Ю.С.
(подпись)

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика».

Программа рассмотрена на заседании кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики 17.04.2024 г. протокол № 15.

Зав. кафедрой, д.б.н., профессор В.П. Саловарова 

Настоящая программа, не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы.