



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.1 «**БИОИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ**»

Направление подготовки: 06.04.01 «Биология»

Направленности (профили) подготовки: «Биотехнология и биоинформационные системы», «Биохимия молекулярная биология»

Квалификация выпускника: Магистр

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

Согласовано с УМК биолого-почвенного
факультета
Протокол № 7 от 20.04.2024
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	2
III. Требования к результатам освоения дисциплины	3
IV. Содержание и структура дисциплины	6
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	15
а) перечень литературы	
б) периодические издания	
в) базы данных, поисково-справочные и информационные системы.....	
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины	16
6.1. Учебно-лабораторное оборудование	
6.2. Программное обеспечение	
6.3. Технические и электронные средства обучения	
VII. Образовательные технологии	17
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации	18

I. Цель и задачи дисциплины:

Цель: формирование у студентов базовых знаний в области использования компьютерных, вычислительных и биоинформационных технологий для обработки больших массивов геномных и протеомных данных с целью извлечения информации о закономерностях протекания биологических процессов на организменном, популяционном и экситонном уровнях.

Задачи:

- сформировать у студентов знания в области механизмов хранения передачи и реализации наследованной информации;
- дать представления о современных методах расшифровки геномов помощью методов секвенирования нового поколения (NGS);
- рассмотреть различные варианты использования технологий секвенирования нового поколения для геномных, популяционных и экосистемных исследований;
- показать технологии хранения первичной подготовки и анализа геномных и протеомных данных;
- сформировать знания о принципах использования международных баз данных для геномных и протеомных исследований;
- познакомить на практике с работой алгоритмов кластеризации геномных данных для эволюционных, популяционных, экосистемных и эпидемиологических исследований.

II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО

2.1. Учебная дисциплина Б1.В.1 «Биоинформационные технологии» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений.

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые при изучении дисциплин первой ступени высшего образования (бакалавриата).

2.3. Перечень последующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: «Биомедицинские технологии», «Молекулярная биотехнология», «Молекулярная иммунология», «Биотехнология лекарственных средств», 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 06.04.01 «Биология»:

ПК-2: Способен исследовать явления и процессы, выбрать методы и средства решения поставленных задач, строить математические модели, осваивать новые информационные и программные ресурсы, получать научные результаты с использованием современных методов, оборудования, вычислительных комплексов в области своей профессиональной деятельности.

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

Компетенция	Индикаторы компетенций	Результаты обучения
ПК-2 Способен исследовать явления и процессы,	<i>ИДК ПК-2.1</i> Знает содержание ключевых понятий и	Знать: механизмы реализации и регуляции молекулярно-биологических процессов при реализации наследованной информации на

<p>выбирать методы и средства решения поставленных задач, строить математические модели, осваивать новые информационные и программные ресурсы, получать научные результаты с использованием современных методов, оборудования, вычислительных комплексов в области своей профессиональной деятельности</p>	<p>определений, информационные ресурсы и базы данных по научно-исследовательской теме, классические и современные методы исследований, методы формализации и решения задач, анализа научных результатов</p>	<p>клеточном, организменном, популяционном и экстерном уровнях, методы получения и анализа геномных и протеомных данных. Уметь: использовать полученные теоретические знания для решения фундаментальных и прикладных задач анализа полногеномных и протеомных данных в эволюционных, биомедицинских, экологических, эпидемиологических исследованиях, а также для освоения последующих дисциплин профиля специальности. Владеть: методами, используемыми в обработке и анализе геномных и протеомных данных.</p>
	<p><i>ИДК ПК 2.2</i> Способен профессионально работать с исследовательским, испытательным оборудованием и установками, вычислительными комплексами, специализированными пакетами программ.</p>	<p>Знать: основы обработки и анализа геномных и протеомных данных с помощью специализированного программного обеспечения и скриптовых языков программирования, методы анализа больших массивов текстовой информации. Уметь: использовать персональные компьютеры, принципы распараллеливания вычисления и высокопроизводительные вычислительные системы для анализа больших данных геномной и протеомной информации. Владеть: навыками построения вычислительных схем и комбинации программ для построения конвейеров для обработки больших массивов геномной и протеомной информации.</p>
	<p><i>ИДК ПК 2.3</i> Владеет статистическими методами обработки экспериментальных результатов; способен находить и осваивать новые программные ресурсы и применять прикладные компьютерные программные комплексы: открытые базы данных, поисковые системы, специализированные языки программирования</p>	<p>Знать: основные методы многомерной математической статистики, методы кластеризации данных, методы машинного обучения, применимые в геномных и протеомных исследованиях. Уметь: использовать международные базы данных для таксономической и функциональной аннотации геномных и метагеномных данных, предсказания функциональной активности белковых молекул. Владеть: навыками использования скриптовых языков программирования (R или Python) и специализированных пакетов для них при анализе геномных и протеомных данных.</p>

IV. СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Объем дисциплины составляет 3 зачетных единицы, 108 часов, в том числе 40 часов на экзамен.

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 4 часа.

Форма промежуточной аттестации: экзамен.

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

№ п/п	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. Механизмы хранения и реализации наследственной информации.	1	6		-	2	-	4	Опрос КСР
2	Тема 2. Механизмы трансформации геномов на организменном и популяционном уровнях, популяционная биология.	1	6		-	2	-	4	Опрос КСР
3	Тема 3. Полимеразная цепная реакция, амплификация ДНК, расшифровка ДНК методом Сенгера.	1	6		-	2	-	4	Опрос КСР
4	Тема 4. Технологии расшифровки ДНК нового поколения (NGS) расшифровка и сборка полногеномных данных.	1	6		-	2	-	4	Опрос КСР

5	Тема 5. Базы и банки данных геномной и протеомной информации.	1	6.5		-	2	-	4	Опрос КСР
6	Тема 6. Методы многомерной математической статистики, методы машинного обучения, применяемые для таксономической и функциональной аннотации полногеномных данных.	1	8.5	1	-	2	0.5	6	Опрос КСР
7	Тема 7. Применение NGS технологий в популяционных и экологических исследованиях, метагеномика.	1	8	1	-	2	-	6	Опрос КСР
8	Тема 8. Применение NGS технологий в биомедицине, молекулярная эпидемиология.	1	14.5	1	-	4	0.5	10	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.)		
1	Тема 1. Механизмы хранения и реализации наследственной информации.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы. Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросу: «Механизмы хранения и реализации наследственной информации». Подготовка доклада по теме.	1	4	Доклад КСР	Раздел 5 а-г
1	Тема 2. Механизмы трансформации геномов на организменном и популяционном уровнях, популяционная биология.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы. Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросу: «Механизмы трансформации геномов на организменном и популяционном уровнях, популяционная биология». Подготовка доклада по теме.	3	4	Доклад КСР	- « -

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
1	Тема 3. Полимеразная цепная реакция, амплификация ДНК, расшифровка ДНК методом Сенгера.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы изучение рекомендуемого программного обеспечения. Решение практической задачи по анализу нуклеотидных последовательностей, в программах «Bioedit» и Seaview, подготовка письменного отчёта (посменной работы) по решаемой задаче.	5	4	Письменная работа КСР	- « -
1	Тема 4. Технологии расшифровки ДНК нового поколения (NGS) расшифровка и сборка полногеномных данных.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы. Самостоятельное изучение теоретического материала по вопросу: «Технологии расшифровки ДНК нового поколения (NGS) расшифровка и сборка полногеномных данных». Подготовка доклада по теме.	7	4	Доклад КСР	- « -
1	Тема 5. Базы и банки данных геномной и протеомной информации.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы изучение рекомендуемого программного обеспечения. Решение практической задачи по поиску и скачиванию в базе данных NCBI SRA первичных данных по расшифрованным геномам различных штаммов вирусов подрода <i>Sarbecovirus</i> , контроль качества первичных данных NGS секвенирования, сборка полных геномов вирусов, подготовка письменного отчёта (посменной работы) по решаемой задаче.	9	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.)		
1	Тема 6. Методы многомерной математической статистики, методы машинного обучения, применяемые для таксономической и функциональной аннотации полногеномных данных.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы изучение рекомендуемого программного обеспечения. Решение практической задачи по аннотации полных геномов различных штаммов вирусов подрода <i>Sarbecovirus</i> , поиск и идентификация рамок считывания в геноме, подготовка письменного отчёта (посменной работы) по решаемой задаче.	11	6	Письменная работа КСР	- « -
1	Тема 7. Применение NGS технологий в популяционных и экологических исследованиях, метагеномика.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы изучение рекомендуемого программного обеспечения. Решение практической задачи скачиванию в базе данных NCBI SRA первичных данных по исследованию вирусных сообществ из оз. Байкал, контроль качества первичных данных NGS секвенирования, таксономическая аннотация коротких прочтений ДНК для определения видового состава вирусного сообщества, подготовка письменного отчёта (посменной работы) по решаемой задаче.	13	6	Письменная работа КСР	- « -
1	Тема 8. Применение NGS технологий в биомедицине, молекулярная эпидемиология.	Изучение темы с использованием материалов практического занятия и рекомендуемой литературы изучение рекомендуемого программного обеспечения. Решение практической задачи по эволюционному анализу истории пандемии вируса SARS-CoV-2 на территории США и Великобритании с помощью программного обеспечения BEAST, подготовка письменного отчёта (посменной работы) по решаемой задаче.	15	10	Письменная работа КСР	- « -
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – 42						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 30 часов.						

4.3 Содержание учебного материала

Тема 1. Механизмы хранения и реализации наследственной информации.

В данной теме раскрываются основные положения молекулярной биологии, связанные с кодированием информации в нуклеотидных последовательностях геномов организмов, и реализации этой информации через процессы трансляции транскрипции. Рассматриваются основные механизмы регуляции экспрессии генетической информации на клеточном и организменном уровнях. С практической точки зрения рассматривается возможность изучения совокупности процессов реализации генетической информации с помощью анализа геномов, транскриптомов и протеомов.

Тема 2. Механизмы трансформации геномов на организменном и популяционном уровнях, популяционная биология.

В данной теме рассматриваются различные типы мутационных процессов и их роль в трансформации геномов организмов на организменном и популяционном уровнях. Изучаются возможности сравнительной геномики для исследования эволюционных процессов на организменном, популяционном и видовом уровнях. С практической точки зрения рассматривается вопрос об исследовании механизмов формирования популяционного и видового разнообразия методами сравнительной геномики.

Тема 3. Полимеразная цепная реакция, амплификация ДНК, расшифровка ДНК методом Сенгера.

В рамках темы изучается процесс реализации полимеразной цепной реакции (ПЦР), изучаются различные варианты ПЦР. Рассматривается вопрос практического применения ПЦР в популяционной и эволюционной биологии, биомедицине. Изучается метод Сенгера для расшифровки нуклеотидных последовательностей. На практике изучается вопрос о первичной обработке и анализе результатов расшифровки ДНК методом Сенгера.

Тема 4. Технологии расшифровки ДНК нового поколения (NGS) расшифровка и сборка полногеномных данных.

В данной теме изучаются различные технологии расшифровки геномной ДНК нового поколения (NGS – next generation sequencing) такие, как пироксигенирование, Illumina, Pacific Biosciences, нанопоровое секвенирование. Изучаются на практике форматы данных для хранения результатов NGS. Рассматривается программное обеспечение для контроля качества NGS данных. Изучается вопрос сборки полных геномов на основе данных NGS.

Тема 5. Базы и банки данных геномной и протеомной информации.

В рамках темы рассматривается практическая работа с базой данных NCBI (National Center for Biotechnology Information) – хранилище данных полногеномной информации. Рассматриваются практические принципы работы с базой данных NCBI RefSeq – хранилище данных полных геномов и полных протеомов организмов. Изучается программное обеспечение для работы с NCBI SRA (sequence read archive) архивами – хранилище первичной информации данных, полученных с помощью NGS технологий. Формируются навыки использования базы данных UNUPROT – база данных аминокислотных последовательностей белков с известной функциональной активностью.

Тема 6. Методы многомерной математической статистики, методы машинного обучения, применяемые для таксономической и функциональной аннотации полногеномных данных.

В данной теме рассматривается спектр методов математической статистики и машинного обучения таких, как кластерный анализ, наивный Байесовский классификатор, скрытые Марковские модели. Изучается программное обеспечение и интернет-ресурсы, позволяющие использовать эти методы для таксономической и функциональной

классификации геномных данных. Даются практические примеры использования данных методов для аннотации геномов микроорганизмов и вирусов.

Тема 7. Применение NGS технологий в популяционных и экологических исследованиях, метагеномика.

В рамках темы рассматривается возможность применения геномных данных в экологической генетике для контроля за состоянием популяций различных организмов. Изучаются алгоритмы получения и анализа метагеномных данных, позволяющих исследовать таксономическое и функциональное разнообразие различных сообществ микро- и микроорганизмов. Рассматривается вопрос практического анализа данных природной ДНК (eDNA - Environmental DNA).

Тема 8. Применение NGS технологий в биомедицине, молекулярная эпидемиология.

В данной теме разрабатываются вопросы, связанные с анализом полного генома человека, для предсказания возможности возникновения наследственных заболеваний. Изучаются методы геномики для анализа патогенной микрофлоры человека. Рассматриваются методы эволюционной геномики для изучения истории возникновения, контроля и прогнозирования развития эпидемий патогенных организмов, вызывающих инфекционных заболеваний человека.

4.3.1. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/п	№ 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	Механизмы хранения и реализации наследственной информации	2		Опрос КСР	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3
2	Тема 2	Механизмы трансформации геномов на организменном и популяционном уровнях, популяционная биология	2		Опрос КСР	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3
3	Тема 3	Полимеразная цепная реакция, амплификация ДНК, расшифровка ДНК методом Сенгера	2		Опрос КСР	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3
4	Тема 4	Технологии расшифровки ДНК нового поколения (NGS) расшифровка и сборка полногеномных данных	2		Опрос КСР	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3
5	Тема 5	Базы и банки данных геномной и протеомной информации	2		Опрос КСР	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3
6	Тема 6	Методы многомерной	2	1	Опрос	ПК-2

		математической статистики, методы машинного обучения, применяемые для таксономической и функциональной аннотации полногеномных данных			КСР	<i>ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3</i>
7	Тема 7	Применение NGS технологий в популяционных и экологических исследованиях, метагеномика	2	1	Опрос КСР	<i>ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3</i>
8	Тема 8	Применение NGS технологий в биомедицине, молекулярная эпидемиология	4	1	Опрос КСР	<i>ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3</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 1. Механизмы хранения и реализации наследственной информации	Самостоятельное изучение темы «Виды белков, классификация белковых молекул по структуре и функции». Подготовка доклада по теме.	ПК-2	<i>ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3</i>
2.	Тема 2. Механизмы трансформации геномов на организменном и популяционном уровнях, популяционная биология	Самостоятельное изучение темы «Мобильные элементы генома эукариотических организмов, ретротранспозоны и ретровирусы». Подготовка доклада по теме.	ПК-2	<i>ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3</i>
3.	Тема 7. Применение NGS технологий в популяционных и экологических исследованиях, метагеномика	Самостоятельное изучение темы «Метабаркодинг и метабокодинговые исследования сообществ организмов с применением NGS технологий». Подготовка доклада по теме.	ПК-2	<i>ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.2 ИДК ПК 2.3</i>

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 «Биоинформационные технологии» используются следующие формы самостоятельной учебной работы:

- Работа по изучению темы с использованием материалов практического занятия.
- Подбор, изучение, анализ рекомендованной литературы.
- Подготовка устных докладов по темам занятий
- Изучения тем занятий, вынесенных на самостоятельное изучение, подготовка устных докладов по темам.
- Самостоятельное изучение программного обеспечения для выполнения задач по анализу геномных и протеомных данных.

- Самостоятельное решения домашних задач по анализу геномных и протеомных данных на основе опыта, полученного на практических занятиях.
- Подготовка письменных отчетов по решению домашних задач.
- Подготовка к экзамену.

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

- Ф.И.О. номер группы магистранта;
- номер задания;
- формулировка задания;
- список программного обеспечения и интернет-сервисов и баз данных, применяемых для решения задания с указанием параметров для запуска;
- описание результата 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. Стефанов, Василий Евгеньевич. Биоинформатика [Электронный ресурс] : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. - Электрон. текстовые дан. - Москва : Юрайт, 2022. - 252 с. - (Высшее образование). - Режим доступа: <https://urait.ru/bcode/489775>, <https://urait.ru/book/cover/D69A8182-EF23-44FC-BE4B-CADE8229EA09>. - ЭБС "Юрайт". - Неогранич. доступ. - ISBN 978-5-534-00860-9 : 939.00 р. URL: <https://urait.ru/bcode/489775> (дата обращения)
2. Леск А. (2009). Введение в биоинформатику. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. — 318 с. - ISBN 78-5-94774-501-6+

б) периодические издания

1. <http://www.matbio.org/about.php> - 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*»
3. <https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/> - сайт журнала «*BMC Bioinformatics*», публикующим научные работы в области биоинформационных технологий

в) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

1. <http://bioinformatics.ru/> - сайт сборник образовательных статей по биоинформатике
2. <https://habr.com/ru/post/403901/> - образовательные лекции по биоинформатике: от статистики до генетических конструкций
3. <http://www.biometrika.tomsk.ru/> - электронный журнал «Биометрика» для медиков и биологов – сторонников доказательной биомедицины. Содержит большое количество статей и иных материалов, посвященных математическим моделям в биологии.
4. <https://www.elibrary.ru> – электронная библиотека научных статей, монографии и материалов конференций, выпущенных Российскими учеными.
5. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> - международная база данных научных статей и монографий, посвященная различным вопросам биологии.
6. <https://apps.webofknowledge.com> – международная база данных, индексирующая научные публикации в высокорейтинговых изданиях
7. <https://www.r-project.org/> - сайт проекта по R статистике
8. <http://qsar4u.com/pages/rtutorial.php> - Краткий курс "Введение в R и моделирование с R" (Pavel Polishchuk)

9. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт международной базы данных NCBI (National Center Biotech Information)
10. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/home/tutorials/> - полное руководство по использованию базы данных NCBI.
11. <https://www.uniprot.org/> - международная база данных протеомной информации «UNIPROT»
12. <https://www.uniprot.org/docs/userman.htm> - полное руководство по использованию базы данных «UNIPROT»
13. <https://bioedit.software.informer.com/7.2/> - сайт и руководство к программе «BIOEDI» для анализа биологических последовательностей
14. <http://doua.prabi.fr/software/seaview> - сайт и руководство к программе «Seaview» для анализа биологических последовательностей
15. <http://ape-package.ird.fr/> - сайт по описанию пакета APE для эволюционного анализа нуклеотидных последовательностей.
16. <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/> - сайт программы «FSTQC» для контроля качества данных полногеномного NGS секвенирования
17. <http://www.usadellab.org/cms/?page=trimmomatic> – сайт программы «Trimmomatic» для фильтрации и первичной подготовки NGS данных
18. <https://cab.spbu.ru/software/spades/> - официальный сайт сборщика полных геномов «SPADES»
19. <https://narrative.kbase.us/> - онлайн сервер для запуска различных программных средств для биоинформационного анализа данных (в том числе «SPADES»).
20. <https://kaiju.binf.ku.dk/> - онлайн инструмент для таксономической классификации коротких NGS прочтений в метагеномике.
21. <https://www.beast2.org/> - сайт программы «BEAST 2» по реконструкции эволюционной и популяционной истории организмов на основе геномных данных

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 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.; 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 «Биоинформационные технологии» 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 геномных и протеомных данных.
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. Работа с молекулярно-биологическими базами данных (genbank, UNIPROT.), обслуживающими их приложениями (BLAST и др) и компьютерными программами молекулярного моделирования.
9. Информационно-коммуникационные образовательные технологии – лекция-визуализация, представление результатов деятельности (рефератов и отчетов) с использованием специализированных программных сред.

10. 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 3. Полимеразная цепная реакция, амплификация ДНК, расшифровка ДНК методом Сенгера.	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
2	Тема 5. Базы и банки данных геномной и протеомной информации.	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	4
3	Тема 6. Методы многомерной математической статистики, методы машинного обучения, применяемые для таксономической и функциональной аннотации полногеномных данных	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	6
4	Тема 7. Применение NGS технологий в популяционных и экологических исследованиях, метагеномика.	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	6
5	Тема 8. Применение NGS технологий в биомедицине, молекулярная эпидемиология	самостоятельная работа	Загрузка задания для контроля на образовательный портал ИГУ educa.isu.ru	10
Итого часов				30

VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

В рамках дисциплины «Биоинформационные технологии» используются следующие формы текущего контроля:

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

Фонд оценочных средств включает:

- перечень тем докладов по темам дисциплины;
- вопросы для самостоятельного изучения (ср);

- задачи для самостоятельного домашнего решения;
- вопросы и билеты для экзамена.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенции ПК-2 (см. п.

III).

Перечень темы устных докладов

1. Тема 1. Молекулярные механизмы транскрипции и трансляции.
2. Тема 1. Устройство и элементы геномов прокариотических и эукариотических организмов.
3. Тема 1. Доказательство наследованной роли ДНК.
4. Тема 1. Виды белков, классификация белковых молекул по структуре и функции.
5. Тема 2. Мутационный процесс, точечные и протяженные мутации.
6. Тема 2. Ретротранспозоны и ретровирусы и их роль в модификации генома.
7. Тема 2. Механизмы фиксации мутации на популяционном и видовом уровнях.
8. Тема 2. Соматические мутации и их роль в возникновении онкологических заболеваний.
9. Тема 4. Применение технологии Сегера для расшифровки полных геномов.
10. Тема 4. Технология Illumina для расшифровки полных геномов..
11. Тема 4. Технология Pacific Biosciences для расшифровки полных геномов.
12. Тема 4. Нанопоровое секвенирование для расшифровки полных геномов.
13. Тема 7. Метабаркодинг и метабаркодинговые исследования сообществ организмов с применением NGS технологий.

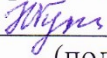
Перечень домашних задания для самостоятельного выполнения

1. Тема 3. Анализ первичных данных секвенирования по Сегеру с помощью программы «Bioedit».
2. Тема 3. Кластеризация последовательностей ДНК дистанционными методами в программе «Seaview».
3. Тема 5. Поиск в базе данных NCBI SRA первичных данных по расшифровке вирусов породе *Sarbecovirus*, контроль качества секвенирования в программах «FSTQC» и «Trimmomatic».
4. Тема 5. Сборка геномных данных в программе «Spades».
5. Тема 6. Аннотация полных геномов вирусов подрода с помощью онлайн средств базы данных <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.
6. Тема 7. Поиск в базе данных NCBI SRA первичных данных по метагеномным исследованиям вирусных сообществ из оз. Байкал, контроль качества секвенирования в программах «FSTQC» и «Trimmomatic».
7. Тема 7. Таксономическая аннотация коротких прочтений NGS метагеномных данных вирусных сообществ из оз. Байкал с помощью онлайн сервиса <https://kaiju.binf.ku.dk/>.
8. Тема 8. Реконструкции эволюционной истории SARS-CoV-2 на территории США и Великобритании на основе анализа полных геномов в программе «BEAST 2» (<https://www.beast2.org/>).
9. Тема 8. Реконструкции динамики эпидемического процесса вируса SARS-CoV-2 на территории США и Великобритании на основе анализа полных геномов, сравнение реконструированной истории динамики пандемии с реальными данными об эпидемическом процессе.

Примерный список вопросов к экзамену

1. ДНК, РНК их биологическая роль, цикл реализации наследственной информации.
2. Опыты по определению биологической роли ДНК.
3. Доказательство полуконсервативной дупликации ДНК.
4. Регуляция экспрессии генетической информации.
5. Мутационные процесс, точечные и генные мутации.
6. Механизмы фиксации мутационных изменений в популяциях
7. ПЦР полимеразная цепная реакция
8. Расшифровка ДНК по методу Сенгера, секвенирующий ПЦР.
9. Первичная обработка результата секвенирования по Сегеру
10. Технология расшифровки полного генома с помощью метода Сенгера, ПЦР со случайными праймерами, технология клонирования генов.
11. Пиросеквенирование (Illumina 454) – технология секвенирования полных геномов второго поколения.
12. Технология секвенирования полных геномов второго поколения Illumina
13. Технология секвенирования полных геномов третьего поколения Pacific Biosciences (PacBio).
14. Нанопоровое секвенирование полных геномов (MinION) – технология секвенирования третьего поколения.
15. Сборка полных геномов графы Дебрейна.
16. Поиск функциональных элементов в полных геномах, скрытые Марковские модели
17. Обработка больших массивов текстовой информации, k-мерный анализ.
18. Эволюция ДНК, модели накопления нуклеотидных замен ДНК
19. Молекулярные часы, реконструкция истории эволюционных событий с использованием молекулярных часов.

Разработчик:

 _____ доцент Букин Ю.С.
(подпись)

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению 06.04.01 Биология.

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.