

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное учреждение
высшего профессионального образования
"Казанский (Приволжский) федеральный университет"
Институт фундаментальной медицины и биологии



УТВЕРЖДАЮ

Проректор
по образовательной деятельности КФУ
Проф. Минзарипов Р.Г.

"__" 20__ г.

Программа дисциплины
Вычислительная геномика и протеомика М2.В.4

Направление подготовки: 020400.68 - Биология

Профиль подготовки: Биоинформатика

Квалификация выпускника: магистр

Форма обучения: очное

Язык обучения: русский

Автор(ы):

Акберова Н.И.

Рецензент(ы):

Невзорова Т.А.

СОГЛАСОВАНО:

Заведующий(ая) кафедрой: Алимова Ф. К.

Протокол заседания кафедры № ____ от "____" 201__ г

Учебно-методическая комиссия Института фундаментальной медицины и биологии:

Протокол заседания УМК № ____ от "____" 201__ г

Регистрационный №

Казань
2014

Содержание

1. Цели освоения дисциплины
2. Место дисциплины в структуре основной образовательной программы
3. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины /модуля
4. Структура и содержание дисциплины/ модуля
5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения
6. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины и учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов
7. Литература
8. Интернет-ресурсы
9. Материально-техническое обеспечение дисциплины/модуля согласно утвержденному учебному плану

Программу дисциплины разработал(а)(и) доцент, к.н. (доцент) Акберова Н.И. Кафедра биохимии и биотехнологии отделение биологии и биотехнологии , Natasha.Akberova@kpfu.ru

1. Цели освоения дисциплины

Изучение дисциплины "Вычислительная геномика и протеомика" направлено на формирование современных представлений о предмете и основных концепциях биоинформатики, задачах вычислительной геномики и протеомики, возможностях приложения биоинформационных подходов к решению фундаментальных и прикладных проблем молекулярной биологии, молекулярной генетики, клеточной биологии , биомедицины. фармакологии.

2. Место дисциплины в структуре основной образовательной программы высшего профессионального образования

Данная учебная дисциплина включена в раздел " М2.В.4 Профессиональный" основной образовательной программы 020400.68 Биология и относится к вариативной части. Осваивается на 1 курсе, 1, 2 семестры.

Дисциплина "Вычислительная геномика и протеомика" опирается на знания, полученные при изучении математики, физики, информатики, биохимии и молекулярной биологии, генетики. Дисциплина "Вычислительная геномика и протеомика" является базовой в подготовке магистров со специализацией в области биоинформатики.

3. Компетенции обучающегося, формируемые в результате освоения дисциплины /модуля

В результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции:

Шифр компетенции	Расшифровка приобретаемой компетенции
ОК-6 (общекультурные компетенции)	способен самостоятельно приобретать с помощью информационных технологий и использовать в практической деятельности новые знания и умения, в том числе в новых областях знаний, непосредственно не связанных со сферой деятельности
ПК-10 (профессиональные компетенции)	глубоко понимает и творчески использует в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов специальных дисциплин магистерской программы (ПК-10);
ПК-2 (профессиональные компетенции)	знает и использует основные теории, концепции и принципы в избранной области деятельности, способен к системному мышлению (ПК-2);
ПК-3 (профессиональные компетенции)	самостоятельно анализирует имеющуюся информацию, выявляет фундаментальные проблемы, ставит задачу и выполняет полевые, лабораторные биологические исследования при решении конкретных задач по специализации с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, демонстрирует ответственность за качество работ и научную достоверность результатов (ПК-3);
ПК-9 (профессиональные компетенции)	профессионально оформляет, представляет и докладывает результаты научно-исследовательских и производственно-технологических работ по утвержденным формам (ПК-9);
ПК-11 (профессиональные компетенции)	умеет планировать и реализовывать профессиональные мероприятия (в соответствии с целями магистерской программы) (ПК-11);

В результате освоения дисциплины студент:

1. должен знать:

методы вычислительной геномики и протеомики

2. должен уметь:

работать с биоинформационными банками анных

3. должен владеть:

компьютерными программами для получения и анализа биологических последовательностей

4. должен демонстрировать способность и готовность:

экспортировать и использовать данные биоинформационных баз, применять биоинформационные подходы и методы в научно-исследовательской работе

4. Структура и содержание дисциплины/ модуля

Общая трудоемкость дисциплины составляет зачетных(ые) единиц(ы) 72 часа(ов).

Форма промежуточного контроля дисциплины зачет в 1 семестре; зачет во 2 семестре.

Суммарно по дисциплине можно получить 100 баллов, из них текущая работа оценивается в 50 баллов, итоговая форма контроля - в 50 баллов. Минимальное количество для допуска к зачету 28 баллов.

86 баллов и более - "отлично" (отл.);

71-85 баллов - "хорошо" (хор.);

55-70 баллов - "удовлетворительно" (удов.);

54 балла и менее - "неудовлетворительно" (неуд.).

4.1 Структура и содержание аудиторной работы по дисциплине/ модулю

Тематический план дисциплины/модуля

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
1.	Тема 1. Введение в вычислительную геномику и протеомику	1	1	1	0	0	устный опрос
2.	Тема 2. Биоинформационные базы данных	1	2	1	3	0	контрольная работа
3.	Тема 3. Сравнение полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	1		1	4	0	контрольная работа
4.	Тема 4. Автоматическое аннотирование последовательности. Онтология.	1		1	3	0	творческое задание
5.	Тема 5. Молекулярная эволюция	1		1	4	0	контрольная работа

N	Раздел Дисциплины/ Модуля	Семестр	Неделя семестра	Виды и часы аудиторной работы, их трудоемкость (в часах)			Текущие формы контроля
				Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
6.	Тема 6. Статистика последовательностей ДНК	1		1	0	0	устный опрос
7.	Тема 7. Методы вычислительной геномики	1		2	4	0	отчет
8.	Тема 8. Биоинформационная поддержка эксперимента	2		2	8	0	отчет
.	Тема . Итоговая форма контроля	1		0	0	0	зачет
.	Тема . Итоговая форма контроля	2		0	0	0	зачет
	Итого			10	26	0	

4.2 Содержание дисциплины

Тема 1. Введение в вычислительную геномику и протеомику

лекционное занятие (1 часа(ов)):

История развития биоинформационных методов. Основные задачи и методы биоинформатики в исследовании генома и протеома

Тема 2. Биоинформационные базы данных

лекционное занятие (1 часа(ов)):

основы структур баз данных (записи, поля, объекты) классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые) основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR PDB базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п. банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro) метаболические базы данных генетические базы (физические карты, OMIM) специализированные базы данных конкретные белковые семейства, РНК и т.д. конкретные геномы функциональные сайты в белках и ДНК

практическое занятие (3 часа(ов)):

Средства работы с базами данных. Практикум в SRS, Entrez

Тема 3. Сравнение полинуклеотидных и полипептидных последовательностей

лекционное занятие (1 часа(ов)):

Сравнение последовательностей выравнивание двух последовательностей глобальное и локальное выравнивание, вес выравнивания, матрицы аминокислотных замен дот-матрицы глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана другие алгоритмы локального выравнивания другие варианты выравнивания (fitting, overlaps, блочное выравнивание, сплайсированное выравнивание) статистическая значимость выравниваний и ее зависимость от вероятностной модели последовательности (в т.ч. сегменты малой сложности) зависимость выравнивания от параметров множественное выравнивание динамическое программирование последовательное выравнивание (Clustal) другие алгоритмы множественного выравнивания (DIALIGN, Match-Box, алгоритм Леоновича-Бродского) профили, скрытые марковские модели поиск блоков (максимизация ожидания, Gibbs sampler, имитация теплового отжига и т.д.)

практическое занятие (4 часа(ов)):

Практикум по выравниваниям:построение выравниваний (написание и использование программ),сравнение локальных и глобальных выравниваний, зависимость выравнивания от параметров,оценка статистической значимости

Тема 4. Автоматическое аннотирование последовательности. Онтология.

лекционное занятие (1 часа(ов)):

Поиск гомологов в базах данных, интерпретация результатов, сравнение алгоритмов, зависимость от параметров (матрицы, фильтры и т.п.)

практическое занятие (3 часа(ов)):

Поиск по сходству в базах данных. Smith-Waterman, хэширование (lookup table), BLAST, оценка значимости (E-value, P-value), фильтрация повторов и обработка участков малой сложности (фильтрация, пересчет значимости), паттерны (Prosite), профили, Psi-BLAST, HMM (PFAM)

Тема 5. Молекулярная эволюция

лекционное занятие (1 часа(ов)):

Эволюция молекул и организмов, ортологи и паралоги, горизонтальный перенос,деревья видов и деревья генов Филогенетическое дерево как математический объект Модели эволюции алгоритмы построения филогенетических деревьев, матрица расстояний методы, основанные на матрице расстояний (UPGMA, neighbour-joining, minimal evolution, топологические инварианты и др.), другие методы (максимальная экономия, максимальное правдоподобие) алгоритмические проблемы поиска оптимального дерева,bootstrapping, согласование деревьев Эволюция на уровне генома (синтения, хромосомные перестройки)

практическое занятие (4 часа(ов)):

анализ популяционных данных SNP tandemные повторы митохондрии и Y-хромосомы данные по рестрикции

Тема 6. Статистика последовательностей ДНК

лекционное занятие (1 часа(ов)):

Нуклеотидный состав (изохоры, GC-острова, картирование старта репликации) частые и редкие слова (вероятностные проблемы) статистика ДНК как характеристика генома

Тема 7. Методы вычислительной геномики

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Метаболическая реконструкция (в т.ч. неортологичные замещения),позиционный анализ, эволюция регуляторных взаимодействий, эволюция белковых семейств, их доля в геноме

практическое занятие (4 часа(ов)):

Практикум в String и Prosite

Тема 8. Биоинформационная поддержка эксперимента

лекционное занятие (2 часа(ов)):

Подбор праймеров для ПЦР Анализ данных двумерного фореза (обработка изображений), масс-спектрометрия белков Анализ данных по экспрессии генов (microarrays и др.), обработка изображений, кластеризация профилей экспрессии, диагностика по экспрессии генов

практическое занятие (8 часа(ов)):

Практическая работа по выявлению влияния степени метилирования промоторов на экспрессию генов. Работа с банками данных по экспрессии

4.3 Структура и содержание самостоятельной работы дисциплины (модуля)

N	Раздел Дисциплины	Семестр	Неделя семестра	Виды самостоятельной работы студентов	Трудоемкость (в часах)	Формы контроля самостоятельной работы
1.	Тема 1. Введение в вычислительную геномику и протеомику	1	1	подготовка к устному опросу	2	устный опрос

N	Раздел Дисциплины	Семестр	Неделя семестра	Виды самостоятельной работы студентов	Трудоемкость (в часах)	Формы контроля самостоятельной работы
2.	Тема 2. Биоинформационные базы данных	1	2	подготовка к контрольной работе	4	контрольная работа
3.	Тема 3. Сравнение полинуклеотидных и полипептидных последовательностей	1		подготовка к контрольной работе	4	контрольная работа
4.	Тема 4. Автоматическое аннотирование последовательности. Онтология.	1		подготовка к творческому экзамену	4	творческое задание
5.	Тема 5. Молекулярная эволюция	1		подготовка к контрольной работе	4	контрольная работа
6.	Тема 6. Статистика последовательностей ДНК	1		подготовка к устному опросу	4	устный опрос
7.	Тема 7. Методы вычислительной геномики	1		подготовка к отчету	8	отчет
8.	Тема 8. Биоинформационная поддержка эксперимента	2		подготовка к отчету	6	отчет
	Итого				36	

5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения

При освоении дисциплины предусматривается широкое использование активных и интерактивных форм приобретения новых знаний. В курсе запланирована активная работа магистрантов в компьютерном классе с доступом в Интернет для работы с биоинформационными банками данных, на биоинформационных порталах с программным инструментарием извлечения информации и ее анализа. Магистранты на примерах конкретных исследовательских задач геномики и протеомики разбирают применение вычислительных методов, отрабатывают навыки применения компьютерных методов в биологии.

6. Оценочные средства для текущего контроля успеваемости, промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины и учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов

Тема 1. Введение в вычислительную геномику и протеомику

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос по дисциплине проводится в форме проблемно-исследовательской беседы

Тема 2. Биоинформационные базы данных

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа по разделу дисциплины проводится на компьютерах с использованием биоинформационных банков данных и программного обеспечения для получения и анализа данных

Тема 3. Сравнение полинуклеотидных и полипептидных последовательностей

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа по разделу дисциплины проводится на компьютерах с использованием биоинформационных банков данных и программного обеспечения для получения и анализа данных

Тема 4. Автоматическое аннотирование последовательности. Онтология.

творческое задание , примерные вопросы:

По предложенному фрагменту нуклеотидной или полипептидной последовательности необходимо предсказать функцию этой последовательности, проанализировать данные об ортологах и паралогах, оценить достоверность вывода

Тема 5. Молекулярная эволюция

контрольная работа , примерные вопросы:

Контрольная работа по разделу дисциплины проводится на компьютерах с использованием биоинформационных банков данных и программного обеспечения для получения и анализа данных

Тема 6. Статистика последовательностей ДНК

устный опрос , примерные вопросы:

Устный опрос по дисциплине проводится в форме проблемно-исследовательской беседы

Тема 7. Методы вычислительной геномики

отчет , примерные вопросы:

Магистранты выполняют небольшую научно-исследовательскую работу с использованием вычислительных методов геномики. Результаты оформляются в виде отчета и представляются в форме презентаций.

Тема 8. Биоинформационная поддержка эксперимента

отчет , примерные вопросы:

Магистранты выполняют небольшую научно-исследовательскую работу с использованием вычислительных методов геномики и баз данных по экспрессии генов. Результаты оформляются в виде отчета и представляются в форме презентаций.

Тема . Итоговая форма контроля

Тема . Итоговая форма контроля

Примерные вопросы к зачету:

Примеры контрольных работ:

Примерные вопросы к зачету:

7.1. Основная литература:

Леск, Артур. Введение в биоинформатику / А. Леск; пер. с англ. под ред. д.б.н., проф. А.А. Миронова и д.х.н., проф. В.К. Швядаса.?Москва: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009.?318 с., [2] л. цв. ил.: ил., табл.; 25.?Загл. и авт. ориг: Introduction to bioinformatics / Arthur M. Lesk.?ISBN 978-5-94774-501-6((в пер.)), 1000.

Акберова, Наталья Ивановна. Метилирование генов-супрессоров при раке простаты: учебное пособие по курсу "Биоинформатика" / Н. И. Акберова, И. И. Ибрагимова; Казан. гос. ун-т.?Казань: Изд-во Казан. гос. ун-та, 2008.?33 с.: ил.; 21.?Библиогр.: с. 32-33 (12 назв.), 100.

7.2. Дополнительная литература:

Каменская, Марина Александровна. Информационная биология: учеб. пособие для студ.высш.учеб.заведений / М. А. Каменская ; под ред. А. А. Каменского.?М.: Академия, 2006.?368 с..?Рекомендовано УМО.?ISBN 5-7695-2580-0: р.291.70.

7.3. Интернет-ресурсы:

EPD ? collection of eukaryotic promoters - <http://epd.vital-it.ch/>

MetaNetX ? Metabolic Network Repository & Analysis - <http://metanetx.org/>

OrthoDB ? Hierarchical catalog of eukaryotic ortholog - <http://cegg.unige.ch/orthodb6>

ProteinProspector ? Mass spectrometry database search tools -
<http://prospector.ucsf.edu/prospector/mshome.htm>

World-2DPAGE Repository ? gel-based proteomics data - <http://world-2dpage.expasy.org/repository/>

8. Материально-техническое обеспечение дисциплины(модуля)

Освоение дисциплины "Вычислительная геномика и протеомика" предполагает использование следующего материально-технического обеспечения:

Мультимедийная аудитория, вместимостью более 60 человек. Мультимедийная аудитория состоит из интегрированных инженерных систем с единой системой управления, оснащенная современными средствами воспроизведения и визуализации любой видео и аудио информации, получения и передачи электронных документов. Типовая комплектация мультимедийной аудитории состоит из: мультимедийного проектора, автоматизированного проекционного экрана, акустической системы, а также интерактивной трибуны преподавателя, включающей тач-скрин монитор с диагональю не менее 22 дюймов, персональный компьютер (с техническими характеристиками не ниже Intel Core i3-2100, DDR3 4096Mb, 500Gb), конференц-микрофон, беспроводной микрофон, блок управления оборудованием, интерфейсы подключения: USB, audio, HDMI. Интерактивная трибуна преподавателя является ключевым элементом управления, объединяющим все устройства в единую систему, и служит полноценным рабочим местом преподавателя. Преподаватель имеет возможность легко управлять всей системой, не отходя от трибуны, что позволяет проводить лекции, практические занятия, презентации, вебинары, конференции и другие виды аудиторной нагрузки обучающихся в удобной и доступной для них форме с применением современных интерактивных средств обучения, в том числе с использованием в процессе обучения всех корпоративных ресурсов. Мультимедийная аудитория также оснащена широкополосным доступом в сеть интернет. Компьютерное оборудование имеет соответствующее лицензионное программное обеспечение.

Компьютерный класс, представляющий собой рабочее место преподавателя и не менее 15 рабочих мест студентов, включающих компьютерный стол, стул, персональный компьютер, лицензионное программное обеспечение. Каждый компьютер имеет широкополосный доступ в сеть Интернет. Все компьютеры подключены к корпоративной компьютерной сети КФУ и находятся в едином домене.

Для проведения занятий необходима мультимедийная аудитория и компьютерный класс с выходом в Интернет

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВПО и учебным планом по направлению 020400.68 "Биология" и магистерской программе Биоинформатика .

Автор(ы):

Акберова Н.И. _____
"___" 201 ___ г.

Рецензент(ы):

Невзорова Т.А. _____
"___" 201 ___ г.