

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**

Алгоритмы в геномике и протеомике М2.ДВ.2

Направление подготовки: 020400.68 - Биология

Профиль подготовки: Биоинформатика

Квалификация выпускника: магистр

Форма обучения: очное

Язык обучения: русский

**Автор(ы):**

Акберова Н.И. , Тарасов Д.С.

**Рецензент(ы):**

Невзорова Т.А.

**СОГЛАСОВАНО:**

Заведующий(ая) кафедрой:

Протокол заседания кафедры No \_\_\_ от "\_\_\_" \_\_\_\_\_ 201\_\_ г

Учебно-методическая комиссия Института фундаментальной медицины и биологии:

Протокол заседания УМК No \_\_\_\_\_ от "\_\_\_" \_\_\_\_\_ 201\_\_ г

Регистрационный No

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 ИФМиБ отделение фундаментальной медицины , Natasha.Akberova@kpfu.ru ; Тарасов Д.С.

### 1. Цели освоения дисциплины

дать широкий обзор разделов алгоритмической биоинформатики, в т.ч. методы чтения генома, а также алгоритмы сравнения строк и поиска подпоследовательностей в больших текстах.

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

Данная учебная дисциплина включена в раздел " М2.ДВ.2 Профессиональный" основной образовательной программы 020400.68 Биология и относится к дисциплинам по выбору. Осваивается на 2 курсе, 3 семестр.

Дисциплина " Алгоритмы в геномике и протеомике" связана с дисциплинами " Вычислительная геномика и протеомика", "Сравнительная геномика", "Анализ последовательностей в геномике"и др.

### 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)	ОК-6, ПК-2, ПК-3, ПК-10, ПК-19.
ПК-2 (профессиональные компетенции)	ОК-6, ПК-2, ПК-3, ПК-10, ПК-19.
ПК-10 (профессиональные компетенции)	ОК-6, ПК-2, ПК-3, ПК-10, ПК-19.
ПК-13 (профессиональные компетенции)	ОК-6, ПК-2, ПК-3, ПК-10, ПК-19.
ПК-3, (профессиональные компетенции)	ОК-6, ПК-2, ПК-3, ПК-10, ПК-19.

В результате освоения дисциплины студент:

1. должен знать:

основные алгоритмические подходы, применяемые в геномике и протеомике

2. должен уметь:

использовать алгоритмические подходы для решения разных биологических задач

3. должен владеть:

компьютерными программами анализа последовательностей биологических молекул

применять знания о биоинформационных подходах в своей научно-исследовательской работе

### 4. Структура и содержание дисциплины/ модуля

Общая трудоемкость дисциплины составляет зачетных(ые) единиц(ы) 108 часа(ов).

Форма промежуточного контроля дисциплины зачет в 3 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. Поиск мотивов	3		2	3	0	устный опрос
2.	Тема 2. Геномные перестройки	3		2	3	0	устный опрос
3.	Тема 3. Редакционное расстояние	3		2	3	0	контрольная работа
4.	Тема 4. Пространственная структура РНК	3		2	3	0	коллоквиум
5.	Тема 5. Определение и аннотация генов	3		4	3	0	контрольная работа
6.	Тема 6. Секвенирование ДНК	3		2	3	0	устный опрос
7.	Тема 7. Масс-спектрометрия и протеомика	3		2	3	0	устный опрос
8.	Тема 8. Поиск шаблонов	3		2	3	0	контрольная работа
9.	Тема 9. Молекулярная эволюция	3		2	2	0	контрольная работа
	Тема . Итоговая форма контроля	3		0	0	0	зачет
	Итого			20	26	0	

#### 4.2 Содержание дисциплины

##### Тема 1. Поиск мотивов

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Поиск мотивов: перебор, поиск с ошибками, эвристические подходы

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Семинар по теме с обсуждением оригинальных статей по теме

## **Тема 2. Геномные перестройки**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Геномные перестройки: нахождение минимального расстояния по перестройкам, инверсии, транслокации, транспозиции. Вычисление 2-break distance. GRIMM. DRIMM.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Семинар по теме с обсуждением оригинальных статей по теме

## **Тема 3. Редакционное расстояние**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Редакционное расстояние. Парное и множественное выравнивание. Матрицы оценки, PAM, BLOSUM. Аффинная модель вставки. Парное выравнивание с линейной памятью.

Эвристические алгоритмы множественного выравнивания. Guide tree. Pfam.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Работа с компьютерными программами парного и множественного выравнивания, с белковыми семействами

## **Тема 4. Пространственная структура РНК**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Третичная структура РНК, предсказание третичной структуры.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Работа в портале ExPASy Tools

## **Тема 5. Определение и аннотация генов**

**лекционное занятие (4 часа(ов)):**

Определение и аннотация генов. Открытые рамки считывания. Статистические методы и методы, основанные на сравнении. Скрытые марковские модели для поиска генов.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Работа в GO, Prosite

## **Тема 6. Секвенирование ДНК**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Графы и секвенирование ДНК. Алгоритмы сборки геномов. Методы исправления ошибок в данных секвенирования. Сборка метагенома.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Семинар по теме с обсуждением оригинальных статей по теме

## **Тема 7. Масс-спектрометрия и протеомика**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Масс-спектрометрия и протеомика. Поиск пептидов в базах данных, восстановление пептидов де-ново по масс-спектру.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Работа в базах данных по масс-спектрологии

## **Тема 8. Поиск шаблонов**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Поиск шаблонов. Алгоритм Кнута-Мориса-Пратта. Суффиксные деревья, массивы, автоматы. Преобразование Барроуза-Виллера. Поиск с ошибками. FASTA. BLAST.

**практическое занятие (3 часа(ов)):**

Работа в FASTA. BLAST.

## **Тема 9. Молекулярная эволюция**

**лекционное занятие (2 часа(ов)):**

Молекулярная эволюция, филогения. Построение эволюционных деревьев

**практическое занятие (2 часа(ов)):**

Работа в ClustalW, Philip

### 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. Поиск мотивов	3		подготовка к устному опросу	7	устный опрос
2.	Тема 2. Геномные перестройки	3		подготовка к устному опросу	7	устный опрос
3.	Тема 3. Редакционное расстояние	3		подготовка к контрольной работе	7	контрольная работа
4.	Тема 4. Пространственная структура РНК	3		подготовка к коллоквиуму	7	коллоквиум
5.	Тема 5. Определение и аннотация генов	3		подготовка к контрольной работе	7	контрольная работа
6.	Тема 6. Секвенирование ДНК	3		подготовка к устному опросу	7	устный опрос
7.	Тема 7. Масс-спектрометрия и протеомика	3		подготовка к устному опросу	7	устный опрос
8.	Тема 8. Поиск шаблонов	3		подготовка к контрольной работе	7	контрольная работа
9.	Тема 9. Молекулярная эволюция	3		подготовка к контрольной работе	6	контрольная работа
	Итого				62	

### 5. Образовательные технологии, включая интерактивные формы обучения

При преподавании дисциплины "Алгоритмы в геномике и протеомике" используются активные и интерактивные формы проведения занятий: на лекциях проводятся он-лайн демонстрации работы на различных биоинформатических серверах, на компьютерных практических занятиях решаются конкретные биологические задачи, кроме того семинары проводятся в форме журнального клуба с обсуждением оригинальных научных статей

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

#### Тема 1. Поиск мотивов

устный опрос , примерные вопросы:

Семинар с обсуждением оригинальных научных статей по теме

#### Тема 2. Геномные перестройки

устный опрос , примерные вопросы:

Семинар с обсуждением оригинальных научных статей по теме

#### Тема 3. Редакционное расстояние

контрольная работа , примерные вопросы:

Отчет о выполненной задаче

#### **Тема 4. Пространственная структура РНК**

коллоквиум , примерные вопросы:

Семинар с обсуждением оригинальных научных статей по теме

#### **Тема 5. Определение и аннотация генов**

контрольная работа , примерные вопросы:

Отчет о выполненной задаче

#### **Тема 6. Секвенирование ДНК**

устный опрос , примерные вопросы:

Семинар с обсуждением оригинальных научных статей по теме

#### **Тема 7. Масс-спектрометрия и протеомика**

устный опрос , примерные вопросы:

Семинар с обсуждением оригинальных научных статей по теме

#### **Тема 8. Поиск шаблонов**

контрольная работа , примерные вопросы:

Отчет о выполненной задаче

#### **Тема 9. Молекулярная эволюция**

контрольная работа , примерные вопросы:

Отчет о выполненной задаче

#### **Тема . Итоговая форма контроля**

Примерные вопросы к зачету:

Зачет состоял из двух теоретических вопросов по темам программы и задачи.

Примерная зачетная задача: необходимо найти продолжительные регионы в хромосоме, между которыми велика разница в распределениях динуклеотидов и кодонов.

(Максимизируется сумма расстояний между соседними регионами и пенализируется количество таких регионов 2-м.)

#### **7.1. Основная литература:**

Математический анализ генетического кода

Автор: Козлов Н.Н.

Издательство: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2010 г.

215 страниц <http://www.knigafund.ru/books/68175>

Бернхард Хаубольд, Томас ВиеВведение в вычислительную биологию. Эволюционный подход (+ CD-ROM)

Introduction to Computational Biology: An Evolutionary Approach Переводчик: Сергей Чудов

Издательство: НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика" Серия: Биоинформатика и молекулярная биология

ISBN 978-5-4344-0014-5; 2011 г., 456 стр.

М. Бородовский, С. ЕкишеваЗадачи и решения по анализу биологических последовательностей Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis Переводчики:

Андрей Чумичкин, А. МироновИздательство: НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика",

Институт компьютерных исследованийСерия: Биоинформатика и молекулярная биология ISBN 978-5-93972-644-3; 2008 г., 440 стр

#### **7.2. Дополнительная литература:**

Р. Дурбин, Ш. Эдди, А. Крог, Г. Митчисон Анализ биологических последовательностей Biological Sequence Analysis



Переводчик: А. Миронов Издательство: НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований

ISBN 5-93972-559-7; 2006 г., 480 стр.

### **7.3. Интернет-ресурсы:**

Entrez - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/gquery>

Expasy Tools - <http://www.expasy.org/tools/>

Математический анализ генетического кода - <http://www.knigafund.ru/books/68175>

Молекулярная эволюция и филогенетический анализ: Учебное пособие - <http://www.knigafund.ru/books/42619>

Системная компьютерная биология - <http://www.knigafund.ru/books/18692>

### **8. Материально-техническое обеспечение дисциплины/модуля согласно утвержденному учебному плану**

Освоение дисциплины "Алгоритмы в геномике и протеомике" 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.

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. \_\_\_\_\_

Тарасов Д.С. \_\_\_\_\_

"\_\_" \_\_\_\_\_ 201\_\_ г.

Рецензент(ы):

Невзорова Т.А. \_\_\_\_\_

"\_\_" \_\_\_\_\_ 201\_\_ г.