

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



» 20__г.

подписано электронно-цифровой подписью

Программа дисциплины

Биоинформационный анализ генома Б1.В.ДВ.1

Направление подготовки: 06.04.01 - Биология

Профиль подготовки: Генетика

Квалификация выпускника: магистр

Форма обучения: очное

Язык обучения: русский

Год начала обучения по образовательной программе: 2019

Автор(ы): Чернов В.М.

Рецензент(ы): Сабиров Р.М.

СОГЛАСОВАНО:

Заведующий(ая) кафедрой: Чернов В. М.

Протокол заседания кафедры № ____ от "____" 20__г.

Учебно-методическая комиссия Института фундаментальной медицины и биологии:

Протокол заседания УМК № ____ от "____" 20__г.

Содержание

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы
2. Место дисциплины в структуре основной профессиональной образовательной программы высшего образования
3. Объем дисциплины (модуля) в зачетных единицах с указанием количества часов, выделенных на контактную работу обучающихся с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающихся
4. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий
 - 4.1. Структура и тематический план контактной и самостоятельной работы по дисциплине (модулю)
 - 4.2. Содержание дисциплины
5. Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю)
6. Фонд оценочных средств по дисциплине (модулю)
 - 6.1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы и форм контроля их освоения
 - 6.2. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания
 - 6.3. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы
 - 6.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций
7. Перечень основной и дополнительной учебной литературы, необходимой для освоения дисциплины (модуля)
 - 7.1. Основная литература
 - 7.2. Дополнительная литература
8. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети "Интернет", необходимых для освоения дисциплины (модуля)
9. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)
10. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень программного обеспечения и информационных справочных систем (при необходимости)
11. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)
12. Средства адаптации преподавания дисциплины к потребностям обучающихся инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья

Программу дисциплины разработал(а)(и) заведующий кафедрой, д.н. (профессор) Чернов В.М. (кафедра генетики, Центр биологии и педагогического образования), VMChernov@kpfu.ru

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

Выпускник, освоивший дисциплину, должен обладать следующими компетенциями:

Шифр компетенции	Расшифровка приобретаемой компетенции
ПК-1	способность творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры
ПК-2	способность планировать и реализовывать профессиональные мероприятия

Выпускник, освоивший дисциплину:

Должен знать:

-основополагающие концепции биоинформатики и круг основных задач, которые решаются в рамках биоинформатики;

-способы получения, организации и анализа геномных данных.

Должен уметь:

-использовать основные подходы и методы биоинформационического анализа генома для решения конкретных научно-исследовательских и профессиональных задач;

-применять полученные знания в области молекулярной биологии и молекулярной генетики, пользоваться научной и справочной литературой в библиографических базах данных Интернета.

Должен владеть:

-практическими навыками работы с биоинформационическими банками данных и другими биоинформационическими ресурсами;

-навыками поиска молекулярно-биологической информации в международных базах данных с помощью системы запросов;

-методами обработки геномных данных.

Должен демонстрировать способность и готовность:

-владеть системой знаний по организации и постановке физического эксперимента в области структурных исследований генома;

-обладать способностью теоретического анализа результатов наблюдений и экспериментов;

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

Данная учебная дисциплина включена в раздел "Б1.В.ДВ.1 Дисциплины (модули)" основной профессиональной образовательной программы 06.04.01 "Биология (Генетика)" и относится к дисциплинам по выбору.

Осваивается на 1 курсе в 2 семестре.

3. Объем дисциплины (модуля) в зачетных единицах с указанием количества часов, выделенных на контактную работу обучающихся с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающихся

Общая трудоемкость дисциплины составляет 2 зачетных(ые) единиц(ы) на 72 часа(ов).

Контактная работа - 22 часа(ов), в том числе лекции - 10 часа(ов), практические занятия - 12 часа(ов), лабораторные работы - 0 часа(ов), контроль самостоятельной работы - 0 часа(ов).

Самостоятельная работа - 50 часа(ов).

Контроль (зачёт / экзамен) - 0 часа(ов).

Форма промежуточного контроля дисциплины: зачет во 2 семестре.

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

4.1 Структура и тематический план контактной и самостоятельной работы по дисциплине (модулю)

N	Разделы дисциплины / модуля	Семестр	Виды и часы контактной работы, их трудоемкость (в часах)			Самостоятельная работа
			Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
1.	Тема 1. Введение в биоинформатику и основные понятия молекулярной биологии.	2	2	0	0	5
2.	Тема 2. Методы анализа геномных данных.	2	2	2	0	15
3.	Тема 3. Методы анализа метагеномных данных.	2	2	4	0	10
4.	Тема 4. Методы анализа транскриптомных данных.	2	2	4	0	10
5.	Тема 5. Методы анализа протеомных данных.	2	2	2	0	10
Итого			10	12	0	50

4.2 Содержание дисциплины

Тема 1. Введение в биоинформатику и основные понятия молекулярной биологии.

Биоинформатика - инструмент современного биолога. Основы молекулярной биологии. Классификация живых организмов. Организация живых систем на молекулярном уровне. Центральная догма молекулярной биологии, современный взгляд. Биологические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление. Генетический код, его свойства. Репликация ДНК, синтез белка. Организация геномов про- и эукариот. Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети. Омиксы: геномика, транскриптомика, протеомика, метагеномика, метаболомика. Методы получения биологической информации: секвенирование, чипы, масс-спектры.

Тема 2. Методы анализа геномных данных.

Базы данных биологической информации, классификация (GenBank, UniProt, Ensembl, 1000G, NapMap, ARDB и др.). Поиск последовательностей в базах данных. Форматы записи последовательностей (нуклеотидная fasta/fastq, аминокислотная fasta). Сравнение нуклеотидных и белковых последовательностей. Попарное выравнивание. BLAST. Множественное выравнивание последовательностей: основные алгоритмы и их особенности. ClustalW, MAFFT, MUSCLE и другие методы. Алгоритмы выравнивание геномных данных (bowtie, BWA). Формат сырых файлов (риды: single-end, paired-end, mate-pair), оценка качества прочтений (Fastqc). Секвенирование ДНК прокариот (задачи), алгоритмы сборки генома (OLC, de Bruijn). Контиги, скаффолды, финиширование. Проверка качества сборки: число контигов, N50, GC-состав. Аннотация сборки (поиск ORF, prokka). Отличия ресеквенированного генома от референсного: типы мутаций.

Тема 3. Методы анализа метагеномных данных.

Микробные сообщества, показатели альфа-, бета-разнообразия. Маркерные гены идентификации микроорганизмов. Методы оценки микробного разнообразия: классические (посевы на селективные среды), ПЦР-анализ, применение технологий секвенирования первого и второго поколений. Метагеном. Шотган-секвенирование и секвенирование ампликонов 16S rPHK/ITS. Алгоритмы метагеномного анализа. Базы референсных последовательностей (Greengenes, SILVA, MetaPhlan). QIIME - инструмент для анализа ампликонов маркерных генов. Понятие "OTU", индексы альфа-разнообразия, матрицы расстояний бета-разнообразия. Визуализация разнообразия методом MDS. Анализ данных шотган-секвенирования. Таксономическое разнообразие (MetaPhlan), функциональное разнообразие (ChocoPhlan). Сборка метагеномов. Задачи, решаемые путем метагеномного анализа. Проект "Human Microbiome Project". Резистом микробиоты кишечника человека. Взаимосвязь микробного сообщества с аутоиммennыми заболеваниями.

Тема 4. Методы анализа транскриптомных данных.

Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов и RNA-seq. Типы РНК, область применения разных RNA-seq. Пайплайн транскриптомного анализа (выравнивание, сборка транскриптов, анализ дифференциальной экспрессии). Нормализация (RPKM, FPKM, CPM). Статистический анализ полученных профилей экспрессии в R (FDR, MDS, Volcano plot). Обогащение терминами Gene Ontology (Web Gestalt), KEGG. Визуализация генных сетей в Strings.

Тема 5. Методы анализа протеомных данных.

Масс-спектрометрия и чипы. Программы, позволяющие из фрагментарных данных масс-спектрометрии и чипов выдавать данные о почти полностью собранных из этих фрагментов белков. Программы, основанные на построении выравниваний фрагментов с известными белками из баз данных UniProt и PROSITE. Существующие инструменты, определяющие посттрансляционные модификации. Вычислительные методы биоинформатики для изучения белков-биомаркеров. Протеогеномика - методы протеомики для подтверждения данных, полученных из геномных последовательностей. Структурная протеомика - широкомасштабные исследования структур белков на основе данных рентгеноструктурного анализа и ЯМР-спектроскопии.

5. Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю)

Самостоятельная работа обучающихся выполняется по заданию и при методическом руководстве преподавателя, но без его непосредственного участия. Самостоятельная работа подразделяется на самостоятельную работу на аудиторных занятиях и на внеаудиторную самостоятельную работу. Самостоятельная работа обучающихся включает как полностью самостоятельное освоение отдельных тем (разделов) дисциплины, так и проработку тем (разделов), осваиваемых во время аудиторной работы. Во время самостоятельной работы обучающиеся читают и конспектируют учебную, научную и справочную литературу, выполняют задания, направленные на закрепление знаний и отработку умений и навыков, готовятся к текущему и промежуточному контролю по дисциплине.

Организация самостоятельной работы обучающихся регламентируется нормативными документами, учебно-методической литературой и электронными образовательными ресурсами, включая:

Порядок организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам высшего образования - программам бакалавриата, программам специалитета, программам магистратуры (утвержден приказом Министерства образования и науки Российской Федерации от 5 апреля 2017 года №301).

Письмо Министерства образования Российской Федерации №14-55-996н/15 от 27 ноября 2002 г. "Об активизации самостоятельной работы студентов высших учебных заведений".

Положение от 29 декабря 2018 г. № 0.1.1.67-08/328 "О порядке проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет".

Положение № 0.1.1.67-06/241/15 от 14 декабря 2015 г. "О формировании фонда оценочных средств для проведения текущей, промежуточной и итоговой аттестации обучающихся федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет"".

Положение № 0.1.1.56-06/54/11 от 26 октября 2011 г. "Об электронных образовательных ресурсах федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего профессионального образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет"".

Регламент № 0.1.1.67-06/66/16 от 30 марта 2016 г. "Разработки, регистрации, подготовки к использованию в учебном процессе и удаления электронных образовательных ресурсов в системе электронного обучения федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет"".

Регламент № 0.1.1.67-06/11/16 от 25 января 2016 г. "О балльно-рейтинговой системе оценки знаний обучающихся в федеральном государственном автономном образовательном учреждении высшего образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет"".

Регламент № 0.1.1.67-06/91/13 от 21 июня 2013 г. "О порядке разработки и выпуска учебных изданий в федеральном государственном автономном образовательном учреждении высшего профессионального образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет"".

6. Фонд оценочных средств по дисциплине (модулю)

6.1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы и форм контроля их освоения

Этап	Форма контроля	Оцениваемые компетенции	Темы (разделы) дисциплины
Семестр 2			
	Текущий контроль		
1	Реферат	ПК-2 , ПК-1	2. Методы анализа геномных данных. 4. Методы анализа транскриптомных данных. 5. Методы анализа протеомных данных.
2	Устный опрос	ПК-2	1. Введение в биоинформатику и основные понятия молекулярной биологии. 2. Методы анализа геномных данных. 3. Методы анализа метагеномных данных.
	Зачет	ПК-1, ПК-2	

6.2 Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания

Форма контроля	Критерии оценивания				Этап	
	Отлично	Хорошо	Удовл.	Неуд.		
Семестр 2						
Текущий контроль						
Реферат	Тема раскрыта полностью. Продемонстрировано превосходное владение материалом. Использованы надлежащие источники в нужном количестве. Структура работы соответствует поставленным задачам. Степень самостоятельности работы высокая.	Тема в основном раскрыта. Продемонстрировано хорошее владение материалом. Использованы надлежащие источники. Структура работы в основном соответствует поставленным задачам. Степень самостоятельности работы средняя.	Тема раскрыта слабо. Продемонстрировано удовлетворительное владение материалом. Использованные источники и структура работы частично соответствуют поставленным задачам. Степень самостоятельности работы низкая.	Тема не раскрыта. Продемонстрировано неудовлетворительное владение материалом. Использованные источники недостаточны. Структура работы не соответствует поставленным задачам. Работа несамостоятельна.	1	
Устный опрос	В ответе качественно раскрыто содержание темы. Ответ хорошо структурирован. Прекрасно освоен понятийный аппарат. Продемонстрирован высокий уровень понимания материала. Превосходное умение формулировать свои мысли, обсуждать дискуссионные положения.	Основные вопросы темы раскрыты. Структура ответа в целом адекватна теме. Хорошо освоен понятийный аппарат. Продемонстрирован хороший уровень понимания материала. Хорошее умение формулировать свои мысли, обсуждать дискуссионные положения.	Тема частично раскрыта. Ответ слабо структурирован. Понятийный аппарат освоен частично. Понимание отдельных положений из материала по теме. Удовлетворительное умение формулировать свои мысли, обсуждать дискуссионные положения.	Тема не раскрыта. Понятийный аппарат освоен неудовлетворительно. Понимание материала фрагментарное или отсутствует. Неумение формулировать свои мысли, обсуждать дискуссионные положения.	2	
	Зачтено	Не зачтено				
Зачет	Обучающийся обнаружил знание основного учебно-программного материала в объеме, необходимом для дальнейшей учебы и предстоящей работы по специальности, справился с выполнением заданий, предусмотренных программой дисциплины.	Обучающийся обнаружил значительные пробелы в знаниях основного учебно-программного материала, допустил принципиальные ошибки в выполнении предусмотренных программой заданий и не способен продолжить обучение или приступить по окончании университета к профессиональной деятельности без дополнительных занятий по соответствующей дисциплине.				

6.3 Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы

Семестр 2

Текущий контроль

1. Реферат

Темы 2, 4, 5

- Структура генов и геномов. Отличия геномной организации про- и эукариот.
- Базы данных генетической информации: NCBI, EMBL, DDBJ, SwissProt, PDB. Формат ?genbank?.
- Секвенирование первого поколения: по Сэнгеру, по Максаму-Гилберту. ?Золотой стандарт? секвенирования.
- Секвенирование второго (следующего) поколения: пиросеквенирование (454 Life Sciences), секвенирование лигированием (SOLiD).
- Секвенирование второго (следующего) поколения: ионное полупроводниковое секвенирование (Ion Torrent Systems), секвенирование путем синтеза (Illumina).
- Секвенирование третьего поколения: нанопоровое секвенирование (Oxford Nanopore Technologies), одномолекулярное секвенирование (Pacific Biosciences).

7. Сборка генома de novo: этапы (сборка контигов, скаффолдинг, закрытие гэпов). Оценка качества сборки.
8. Сборка генома по референсу. Выравнивание (картирование).
9. Аннотация геномной сборки: поиск ORF, предсказание функции. Автоматические системы аннотации баз данных NCBI, RAST, IMG.
10. Понятие ?минимального генома?. Искусственный геном.
11. Сравнительная геномика. Core- и рап-геном. Филогенетические деревья.
12. Функциональные классы белков. Ферменты и метаболические пути. Классификация ферментов (ЕС). Киотская энциклопедия генов и геномов (KEGG). Геномное окружение.
13. Проект ?Геном человека?: значение, выводы, перспективы. Современные постгеномные проекты.
14. Ресеквенирование генома человека. NGS в медицине: экзом и таргетное секвенирование.
15. Базы данных наследственных заболеваний человека: OMIM, HGMD, SNPedia, LOVD.
16. Полногеномные исследования ассоциаций (GWAS), примеры успеха.

2. Устный опрос

Темы 1, 2, 3

Парное выравнивание. Виды, авторы алгоритмов, цели, значение. Глобальное выравнивание. Вторичные структуры белков, их характеристики предсказание. ПО и сервисы. Локальное выравнивание. Алгоритм локального выравнивания. Биоинформатика. Объекты биоинформатики. Задачи, решаемые с помощью биоинформатики. Методы биоинформатики. Матрицы сравнения последовательностей. PAM, BLOSUM. Третичная структура белка. Фолдинг. Предсказание третичной структуры белка. Моделирование гомологов. Распознавание фолда.

Зачет

Вопросы к зачету:

Биоинформатика и биоинженерия: возникновение, цели, задачи, методы.

Направление передачи информации в живой клетке.

Биологические макромолекулы (ДНК, РНК, белки).

Генетический код и его свойства.

Про- и эукариоты. Особенности организации генома.

Фундаментальные генетические процессы (репликация, транскрипция, трансляция).

Общие понятия о методах получения молекулярно-генетических данных (расшифровки пространственной структуры белков; прочтение аминокислотных и нуклеотидных последовательностей).

Системная биология и омиксы: геномика, транскриптомика, протеомика, метагеномика, метаболомика.

Определение первичных последовательностей нуклеиновых кислот: технологии секвенирования первого, второго и третьего поколений.

Базы данных биологической информации.

Типы записи биологических последовательностей, оценка качества секвенирования.

Методы сравнения первичных последовательностей макромолекул: парное выравнивание, множественное выравнивание. Глобальное и локальное выравнивание.

Выравнивания и филогенетические отношения. Филогенетические деревья и алгоритмы их построения и анализа.

Алгоритмы сборки геномов прокариот. Аннотация собранных геномов. Сравнение ресеквенированного генома с референсной последовательностью.

Микробные сообщества, показатели и методы оценки их разнообразия, понятие "метагеном".

Резистентность микробного сообщества, способы ее приобретения, оценка резистома различных экониш.

История появления генетики человека, ее методы. Типы наследования.

Хромосомные заболевания. Моногенные и мультифакторные заболевания.

Ресеквенирование генома человека: задачи, методы. Характеристики генома человека.

Экзомное секвенирование. Алгоритм анализа экзомных данных.

Популяционная генетика. ДНК-маркеры. Гаплогруппы. Геногеография.

Базы данных геномной информации.

Современный рынок клинической генетической диагностики. Медицинская генетика, нутригенетика, фармакогенетика, генетика спортивных достижений.

6.4 Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующие этапы формирования компетенций

В КФУ действует балльно-рейтинговая система оценки знаний обучающихся. Суммарно по дисциплине (модулю) можно получить максимум 100 баллов за семестр, из них текущая работа оценивается в 50 баллов, итоговая форма контроля - в 50 баллов.

Для зачёта:

56 баллов и более - "зачтено".

55 баллов и менее - "не зачтено".

Для экзамена:

86 баллов и более - "отлично".

71-85 баллов - "хорошо".

56-70 баллов - "удовлетворительно".

55 баллов и менее - "неудовлетворительно".

Форма контроля	Процедура оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций	Этап	Количество баллов
Семестр 2			
Текущий контроль			
Реферат	Обучающиеся самостоятельно пишут работу на заданную тему и сдают преподавателю в письменном виде. В работе производится обзор материала в определённой тематической области либо предлагается собственное решение определённой теоретической или практической проблемы. Оцениваются проработка источников, изложение материала, формулировка выводов, соблюдение требований к структуре и оформлению работы, своевременность выполнения. В случае публичной защиты реферата оцениваются также ораторские способности.	1	35
Устный опрос	Устный опрос проводится на практических занятиях. Обучающиеся выступают с докладами, сообщениями, дополнениями, участвуют в дискуссии, отвечают на вопросы преподавателя. Оценивается уровень домашней подготовки по теме, способность системно и логично излагать материал, анализировать, формулировать собственную позицию, отвечать на дополнительные вопросы.	2	15
Зачет	Зачёт нацелен на комплексную проверку освоения дисциплины. Обучающийся получает вопрос (вопросы) либо задание (задания) и время на подготовку. Зачёт проводится в устной, письменной или компьютерной форме. Оценивается владение материалом, его системное освоение, способность применять нужные знания, навыки и умения при анализе проблемных ситуаций и решении практических заданий.		50

7. Перечень основной и дополнительной учебной литературы, необходимой для освоения дисциплины (модуля)

7.1 Основная литература:

1. Основы анализа данных и программирования в R : учебно-методическое пособие / Акберова Н. И., Козлова О. С. ; Казан. федер. ун-т, Ин-т фундамент. медицины и биологии .? Казань : [Альянс], 2017 .? 32 с. : ил. ; 21 .? Библиогр.: с. 32 (7 назв.), 100.

2. Методы молекулярной филогении [Текст: электронный ресурс] : учебно-методическое пособие / Н. И. Акберова ; Казан. федер. ун-т, Ин-т фундамент. медицины и биологии, Каф. биохимии и биотехнологии .? Электронные данные (1 файл: 0,39 Мб) .? (Казань : Казанский федеральный университет, 2014) .? Загл. с экрана .? Для 3-го семестра .? Вых. дан. ориг. печ. изд.: Казань, 2014.

https://dspace.kpfu.ru/xmlui/bitstream/handle/net/22030/01_012_000708.pdf

https://dspace.kpfu.ru/xmlui/bitstream/handle/net/22030/01_012_000708.pdf

7.2. Дополнительная литература:

1. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Электронный ресурс] / редакторы К. Уилсон и Дж. Уолкер. - М. : БИНОМ, 2013. - <http://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785996321261.html>
 2. NGS: высокопроизводительное секвенирование [Электронный ресурс] / Д. В. Ребриков [и др.] ; под общей редакцией Д. В. Ребрикова. - 2-е изд. (эл.). - М. : БИНОМ, 2015. - <http://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785996330249.html>

8. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети "Интернет", необходимых для освоения дисциплины (модуля)

Биоинформатика -

Биоинформатика и геномика - <https://postnauka.ru/courses/42433>

Биоинформатика и математическое моделирование - <http://mathbio.ru>

9. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

Вид работ	Методические рекомендации
лекции	Студенту рекомендуется вести конспект лекции. В конспекте дословно записываются определения основных биоинформационических понятий, категорий и биологических законов. Остальное должно быть записано своими словами. С целью улучшения усвоения материала требуется просмотреть конспект сразу после занятий, отметить материал конспекта лекций, который вызывает затруднения для понимания, попытаться найти ответы на затруднительные вопросы, используя рекомендуемую литературу. При подготовке к лекции студенту рекомендуется по конспекту заблаговременно изучить материал, предложенный на предыдущих лекциях, повторить основные термины.
практические занятия	При подготовке к практическим занятиям студенту рекомендуется: - самостоятельно заблаговременно повторить учебный материал, предлагаемый на лекционных и практических занятиях; - заранее убедиться в наличии и работоспособности на персональном компьютере необходимого для выполнения работы программного обеспечения;
самостоятельная работа	Приступая к самостоятельному изучению дисциплины, студенту необходимо внимательно ознакомиться с тематическим планом занятий, списком рекомендованной литературы. Следует уяснить последовательность выполнения индивидуальных учебных заданий. При возникновении сложностей студент вправе обратиться за консультацией к преподавателю.
реферат	При подготовки рефератов студент должен использовать научные статьи, опубликованные не ранее 2014 года. Критически проанализировать используемые в реферате данные. Реферат должен быть представлен в напечатанном виде. К его защите на практических занятиях должна быть подготовлена презентация. Оценивается качество доклада (полнота раскрытия темы), иллюстративный материал и умение отвечать на вопросы.
устный опрос	Подготовка к устному опросу включает повторение пройденного материала по собственным конспектам лекций, а также самостоятельное изучение основной и дополнительной литературы. Вопросы составлены таким образом, чтобы проверить текущие знания и оценить способность студента пользоваться полученными знаниями.
зачет	Завершающим этапом изучения дисциплины является аттестация в виде зачета. Для подготовки к зачету студенту рекомендовано: - самостоятельно повторить учебный материал, предлагаемый на лекционных и практических занятиях в течение всего семестра обучения; - при необходимости воспользоваться дополнительной учебной литературой, согласованной с преподавателем.

10. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень программного обеспечения и информационных справочных систем (при необходимости)

Освоение дисциплины "Биоинформационный анализ генома" предполагает использование следующего программного обеспечения и информационно-справочных систем:

Операционная система Microsoft Windows Professional 7 Russian

Пакет офисного программного обеспечения Microsoft Office 2010 Professional Plus Russian

Браузер Mozilla Firefox

Браузер Google Chrome

11. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Освоение дисциплины "Биоинформационный анализ генома" 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.

12. Средства адаптации преподавания дисциплины к потребностям обучающихся инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья

При необходимости в образовательном процессе применяются следующие методы и технологии, облегчающие восприятие информации обучающимися инвалидами и лицами с ограниченными возможностями здоровья:

- создание текстовой версии любого нетекстового контента для его возможного преобразования в альтернативные формы, удобные для различных пользователей;
- создание контента, который можно представить в различных видах без потери данных или структуры, предусмотреть возможность масштабирования текста и изображений без потери качества, предусмотреть доступность управления контентом с клавиатуры;
- создание возможностей для обучающихся воспринимать одну и ту же информацию из разных источников - например, так, чтобы лица с нарушениями слуха получали информацию визуально, с нарушениями зрения - аудиально;
- применение программных средств, обеспечивающих возможность освоения навыков и умений, формируемых дисциплиной, за счёт альтернативных способов, в том числе виртуальных лабораторий и симуляционных технологий;
- применение дистанционных образовательных технологий для передачи информации, организации различных форм интерактивной контактной работы обучающегося с преподавателем, в том числе вебинаров, которые могут быть использованы для проведения виртуальных лекций с возможностью взаимодействия всех участников дистанционного обучения, проведения семинаров, выступления с докладами и защиты выполненных работ, проведения тренингов, организации коллективной работы;
- применение дистанционных образовательных технологий для организации форм текущего и промежуточного контроля;
- увеличение продолжительности сдачи обучающимся инвалидом или лицом с ограниченными возможностями здоровья форм промежуточной аттестации по отношению к установленной продолжительности их сдачи;
- продолжительности сдачи зачёта или экзамена, проводимого в письменной форме, - не более чем на 90 минут;
- продолжительности подготовки обучающегося к ответу на зачёт или экзамене, проводимом в устной форме, - не более чем на 20 минут;
- продолжительности выступления обучающегося при защите курсовой работы - не более чем на 15 минут.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО и учебным планом по направлению 06.04.01 "Биология" и магистерской программе Генетика .