

«УТВЕРЖДАЮ»

Декан биологического факультета МГУ

Академик

М.П.Киричников

2015 г.

Рабочая программа дисциплины (модуля)

1. Код и наименование дисциплины (модуля): «Биоинформатика»

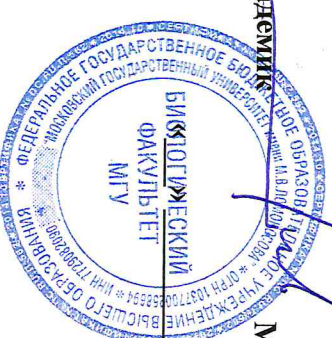
2. Уровень высшего образования – подготовка научно-педагогических кадров в аспирантуре.

3. Направление подготовки – **06.06.01 Биологические науки**. Направленность (профиль) программы – **биофизика; биотехнология; биоинженерия; математическая биология, биоинформатика.**

4. Место дисциплины (модуля) в структуре ООП: вариативная часть ООП (весенний семестр), спецкурс по выбору (читается на кафедре биоинженерии)

5. Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю), соотношенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы (компетенциями выпускников)

Формируемые компетенции (код компетенции)	Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю)
УК-1: Способность к критическому анализу и оценке современных научных достижений, генерированию новых идей при решении исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях	Владеть: навыками анализа методологических проблем, возникающих при решении исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях Код В1 (УК-1) Владеть:



	навыками критического анализа и оценки современных научных достижений и результатов деятельности по решению исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях Код В2 (УК-1)
УК-2 <i>Способность проектировать и осуществлять комплексные исследования, в том числе междисциплинарные, на основе целостного системного научного мировоззрения с использованием знаний в области истории и философии науки.</i>	Знать: методы научно-исследовательской деятельности Код 31 (УК-2)
УК-3: <i>Готовность участвовать в работе российских и международных исследовательских коллективов по решению научных и научно-образовательных задач</i>	Владеть: технологиями оценки результатов коллективной деятельности по решению научных и научно-образовательных задач, в том числе ведущейся на иностранном языке Код В2 (УК-3)
УК-4: <i>Готовность использовать современные методы и технологии научной коммуникации на государственном и иностранном языке</i>	Владеть: навыками анализа научных текстов на государственном и иностранном языках Код В1 (УК-4) Знать: стилистические особенности представления результатов научной деятельности в устной и письменной форме на государственном и иностранном языках Код З2 (УК-4)
ОПК-1 <i>Способность самостоятельно осуществлять научно-исследовательскую деятельность в соответствующей профессиональной области с использованием современных методов исследования и информационно-коммуникационных технологий</i>	Уметь: собирать, отбирать и использовать необходимые данные и эффективно применять количественные методы их анализа

Оценочные средства для промежуточной аттестации по дисциплине (модулю) приведены в Приложении.

6. Объем дисциплины (модуля) составляет 2 зачетных единицы, всего 72 академических часов, из которых 24 часов составляет контактная работа аспиранта с преподавателем (24 часов занятий лекционного типа) и 48 часа составляет самостоятельная работа аспиранта (выполнение домашних заданий и написание реферата).
7. Входные требования для освоения дисциплины (модуля), предварительные условия:
ЗНАТЬ: математический анализ, общую физику, биофизику, основы молекулярной биологии (на уровне программ специалиста/магистра), теоретические и методологические основы биологических научных исследований
УМЕТЬ: вырабатывать на основе рационального анализа экспериментальных результатов свою точку зрения в вопросах биотехнологии и отстаивать ее во время дискуссии со специалистами и неспециалистами; читать и реферировать научную литературу в области биотехнологии, в том числе на иностранных языках, при условии соблюдения научной этики и авторских прав.
ВЛАДЕТЬ: современными информационно-коммуникационными технологиями, иностранным языком.
8. Образовательные технологии: классические лекционные технологии.
9. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и виды учебных занятий

Наименование и краткое содержание разделов и тем дисциплины (модуля), форма промежуточной аттестации по дисциплине (модулю)	Всего (часы)	В том числе								
		Контактная работа (работа во взаимодействии с преподавателем), часы из них					Самостоятельная работа обучающегося, часы из них			
		Занятия лекционного	Занятия семинарского	Групповые консультации	Индивидуальные консультации	Учебные занятия, направленные на проведение текущего контроля успеваемости, практические занятия и др)*	Всего	Выполнение домашних заданий	Подготовка рефератов и т.п.	Всего
ГЕНОМНАЯ БИОИНФОРМАТИКА. Методы секвенирования нуклеиновых кислот. Технологии создания библиотек фрагментов ДНК. Общие принципы обработки данных секвенирования нового поколения (NGS). Планирование эксперимента с использованием NGS. Секвенирование индивидуальных геномов прокариот. Исследование микробных сообществ методами NGS. Секвенирование геномов эукариот. Применение NGS в медицинской практике.	36	12					12	24		24
СТРУКТУРНАЯ БИОИНФОРМАТИКА. Предсказание структуры белков <i>ab initio</i> . Распознавание	36	12					12	24		24

типа укладки белковых структур. Предсказание структуры мембранных белков (МБ). Изучение структуры и функции неупорядоченных белков (НБ). Предсказание функции белка по свойствам его поверхности. Пространственные мотивы в структуре белков. Предсказание функции белка с использованием расчетов молекулярной динамики.									
Промежуточная аттестация - зачет									
Итого	72	24					24	48	48

10. Учебно-методические материалы для самостоятельной работы аспирантов.

Конспекты лекций, аудио- и видеозаписи лекций, файлы презентаций лекций, основная и дополнительная учебная литература (см. п.11)

11. Ресурсное обеспечение:

Основная литература

1. Введение в биоинформатику. А.Леск. (пер. с англ.). М.: Бином, 2013.
2. NGS: высокопроизводительное секвенирование. Д. Ребриков и др. М.: Бином. Лаборатория знаний, 2014.
3. Структура и функционирование белков. Применение методов биоинформатики / [под рук. Даниэля Джона Риглена]; (пер. с англ.). М.: URSS, 2014

Дополнительная литература

1. Bioinformatics and the Cell. Modern Computational Approaches in Genomics, Proteomics and Transcriptomics. Xuhua Xia (на англ.). Springer, 2007
2. Evolutionary Bioinformatics. Donald R. Forsdyke (на англ.). Springer, 2011

Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

1. Институт биоинформатики - <http://bioinformaticsinstitute.ru/>
2. Научный портал по биоинформатике - <http://www.bioinformatic.ru/>
3. Русский метагеномный проект - <http://metagenome.ru>

Перечень используемых информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса, включая программное обеспечение, информационные справочные системы (при необходимости):

Интернет-браузер, базы данных PubMed (NCBI, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>), Protein Data Bank (Research Collaboratory for Structural Bioinformatics <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>)

Описание материально-технической базы.

Кафедра биоинженерии биологического факультета МГУ располагает необходимыми аудиторным фондом, компьютерами, проекторами и экранами, аудиопаратурой.

12. Язык преподавания: русский

13. Преподаватель (преподаватели): доцент кафедры биоинженерии В.Н.Новоселецкий



Оценочные средства для промежуточной аттестации по дисциплине (модулю) «Биоинформатика»
на основе карт компетенций выпускников

РЕЗУЛЬТАТ ОБУЧЕНИЯ по дисциплине (модулю)	КРИТЕРИИ И ПОКАЗАТЕЛИ ОЦЕНИВАНИЯ РЕЗУЛЬТАТА ОБУЧЕНИЯ по дисциплине (модулю), баллы БРС					ОЦЕНОЧНЫЕ СРЕДСТВА
	1, 0	2 1-29	3 30-59	4 60-89	5 90-100	
Владеть: навыками анализа методологических проблем, возникающих при решении исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях Код В1 (УК-1)	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат, зачет
Владеть: навыками критического анализа и оценки современных научных достижений и результатов деятельности по решению исследовательских и практических задач, в том числе в междисциплинарных областях Код В2 (УК-1)	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат, зачет
Знать: методы научно-исследовательской деятельности Код З1 (УК-2)	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат, зачет
Владеть:	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат,

технологиями оценки результатов коллективной деятельности по решению научных и научно-образовательных задач, в том числе ведущейся на иностранном языке Код В2(УК-3)							зачет
Знать: стилистические особенности представления результатов научной деятельности в устной и письменной форме на государственном и иностранном языках Код З2(УК-4)	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат, зачет	
Владеть: навыками анализа научных текстов на государственном и иностранном языках Код В1(УК-4)	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат, зачет	
Уметь: собирать, отбирать и использовать необходимые данные и эффективно применять количественные методы их анализа	0	1-29	30-59	60-89	90-100	- индивидуальное собеседование, реферат, зачет	

Фонды оценочных средств, необходимые для оценки результатов обучения

Примеры вопросов к промежуточному контролю (темы рефератов, вопросы для индивидуального собеседования):

1. Методы секвенирования с предварительной амплификацией фрагментов ДНК
2. Оценка длин фрагментов ДНК.
3. Алгоритмы OLS и графы де Брёйна для сборки генома.
4. Основные типы ошибок при секвенировании.
5. Секвенирование транскриптома прокариот.
6. Энергетические функции при моделировании структуры белков.
7. Применение метода опорных векторов для определения типа укладки белка.
8. Применение искусственных нейронных сетей для определения топологии мембранных белков.
9. Применение потенциальной функции контактов между остатками для предсказания неупорядоченности белков.
10. Применение теории графов для поиска пространственных мотивов в структурах белков.

ПРОГРАММА зачета по спецкурсу «Биоинформатика»

ГЕНОМНАЯ БИОИНФОРМАТИКА

Методы секвенирования нуклеиновых кислот. Методы с предварительной амплификацией фрагментов ДНК (методы Максама-Гилберта, метод Сенгера, гибридизация на твердой фазе, пиросеквенирование, полуавтоматическое секвенирование). Методы секвенирования одиночных молекул (секвенирование при помощи электронного микроскопа, регистрация присоединяемого нуклеотида по отщепляемой метке, протаскивание ДНК через нанопоры). Спектры флуоресценции терминальных dNTP, используемых в методе Сенгера.

Технологии создания библиотек фрагментов ДНК. Очистка нуклеиновых кислот. Полногеномная амплификация. Способы разрушения ДНК для приготовления библиотек. Оценка длин фрагментов ДНК. Присоединение адаптеров. Предварительная амплификация библиотек. Отбор фрагментов нужной длины. Мечение специфичными адаптерами. Клональная амплификация фрагментов ДНК. Точность различных экспериментальных методов определения концентрации нуклеиновых кислот.

Общие принципы обработки данных секвенирования нового поколения (NGS). Оценка качества первичных данных. Сборка геномов *de novo*. Алгоритмы сборки. Аппаратные и биологические особенности данных NGS. Вариации в близкородственных геномах. Картирование прочтений при повторном секвенировании. Поиск однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Поиск структурных вариаций. Аннотация вариации с использованием баз данных. Алгоритмы поиска SNP.

Планирование эксперимента с использованием NGS. Общие принципы планирования биологических экспериментов. Рандомизация и повторности в NGS. Основные типы ошибок при секвенировании. Планирование эксперимента по секвенированию генома цианобактерий.

Секвенирование индивидуальных геномов прокариот. Определение полной последовательности бактериального генома *de novo*. Анализ данных геномного секвенирования бактерий. Принципами аннотации генома.

Исследование микробных сообществ методами NGS. Очистка ДНК для метагеномных исследований. Анализ микробного сообщества секвенированием ампликонов. Метагеномное секвенирование. Принципами аннотации метагенома.

Секвенирование геномов эукариот. Общие аспекты секвенирования сложных геномов. Секвенирование эукариотических организмов *de novo*. Повторное секвенирование. Митохондриальный геном и плазмиды. Проблема фазирования при ресеквенировании диплоидных геномов.

Применение NGS в медицинской практике. Генетическое тестирование с использованием NGS. Исследование патогенов человека. Правовые и этические проблемы, которые могут быть вызванным массовым полногеномным секвенированием людей.

СТРУКТУРНАЯ БИОИНФОРМАТИКА

Предсказание структуры белков *ab initio*. Энергетические функции. Методы конформационного поиска. Отбор моделей. Применимость нейронных сетей для выявления различий между природными белковыми структурами и их моделями.

Распознавание типа укладки белковых структур. Методы "протягивания". Определение удаленной гомологии без "протягивания". Точность выравнивания, качество моделей и статистическая значимость. Алгоритм "двойного динамического программирования".

Предсказание структуры мембранных белков (МБ). Структурные классы МБ. Методы определения структуры МБ. Особенности кристаллизации МБ. Предсказание топологии МБ. Предсказание третичной структуры МБ. Особенности применения скрытых марковских моделей для предсказания топологии МБ.

Изучение структуры и функции неупорядоченных белков (НБ). Свойства последовательностей НБ. Предсказание неупорядоченности. Функциональная классификация НБ. Методы предсказания функции НБ и их ограничения. Размер алфавита и энтропия для ряда НБ.

Предсказание функции белка по свойствам его поверхности. Способы представления поверхности белка, свойства поверхности. Интерфейсы взаимодействия с низкомолекулярными лигандами и белками. Комплементарность свойств поверхностей в белок-белковых комплексах.

Пространственные мотивы в структуре белков. Поиск мотивов. Мотивы активных центров и сайтов связывания. Использование молекулярного докинга для предсказания функции белков. Атлас каталитических сайтов (Catalytic Site Atlas, CSA) и мотивы каталитических триад Ser-His-Asp.

Предсказание функции белка с использованием расчетов молекулярной динамики (МД). Анализ главных компонент. Сэмплирование коллективных координат. Анализ нормальных мод. Роль расчетов МД в установлении механизмов функционирования калиевых каналов.