ГОУ ВПО РОССИЙСКО-АРМЯНСКИЙ (СЛАВЯНСКИЙ) УНИВЕРСИТЕТ

Составлен в соответствии с государственными требованиями к минимуму содержания и уровню подготовки выпускников по указанным направлениям и Положением «Об УМКД РАУ».

УТВЕРЖДАЮ:

Директор ИБМиФ
Аракелян А.А.

"12" июня 2020 г.,
Протокол 5

Институт: Биомедицины и фармации

Кафедра: биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии

Автор(ы): д.б.н. Аракелян Арсен Арташесович

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ КОМПЛЕКС

Дисциплина: Избранные главы биоинформатики

Специальность: 06.05.01 «биоинженерия и биоинформатика»

ЕРЕВАН-2020

1. Аннотация:

Данная дисциплина предназначена для более углубленного изучения методов анализа и манипуляции последовательностями нуклеиновых кислот. Кроме того, в рамках данного курса более детально разбираются фундаментальные биоинформатические алгоритмы выравнивания, поисков последовательностей, филогенетического анализа, предсказания генов и кодирующих участков генома. Наконец, в течение курса рассматриваются основные интернет ресурсы геномной информации, веб- и локальные программы для работы с последовательностями нуклеиновых кислот.

2. Требования к исходным уровням знаний и умений студентов:

Необходимым условием является ознакомление с курсом "Вводный курс биоинформатики". Дисциплина базируется на знаниях, приобретенных студентами при изучении теоретических и методических основ молекулярной биологии, статистики и программирования.

3. Цель и задачи дисциплины:

Цель дисциплины - углубленное ознакомление студентов с методами манипуляции и анализа последовательностей нуклеиновых кислот, основными биоинформатическими алгоритмами и онлайн ресурсами геномной информации.

Задачи дисциплины:

Ознакомление с технологиями секвенирования нуклеиновых кислот
Ознакомление с основными ресурсами геномной информации
Ознакомление с алгоритмами выравнивания последовательностей нуклеиновы кислот
Ознакомление с алгоритмами построения филогенетических деревьев
Ознакомление с алгоритмами предсказания генов и кодирующих регионов генома
Ознакомление с алгоритмами анализа экспрессии генов
Практическая работа с базами данных нуклеиновых кислот
Практическая работа с программами парного и множественного выравнивания
Практическая работа с программами филогенетического анализа
Практическая работа с программами предсказания генов
Практическая работа с программами анализа экспрессии генов

4. Требования к уровню освоения содержания дисциплины

После прохождения дисциплины студент должен:

Знать:

- Принципы работы алгоритмов, основанных на динамическом программировании
- Принцип работы алгоритма глобального выравнивания
- Принцип работы алгоритма локального выравнивания
- Основные метрики оценки качества выравнивания
- принципы работы эвристических алгоритмов множественного выравнивания (BLAST и FASTA)
- Цели и задачи филогенетического анализа
- Основные методы построения и оценки качества филогенетических деревьев
- Принцип работы алгоритмов предсказания генов, основанных на паттернах открытых рамок считывания и скрытых Марковских моделей.
- Основные стратегии анализа экспрессии и функциональной аннотации генов.

Уметь:

- Искать нуклеотидные последовательности в базах данных NCBI, EMBL
- Находить наборы данных транскриптомных исследований

- Использовать базы данных геномной информации для функциональной аннотации нуклеотидных последовательностей
- Использовать веб- и компьютерные программы глобального и локального парного и множественного выравнивания
- Использовать программы филогенетического анализа
- Использовать программы предсказания генов
- Использовать программы анализа экспрессии генов
- Использовать программы функциональной аннотации
- Интерпретировать полученные результаты

Владеть:

- Компьютерными программами анализа нуклеиновых последовательностей, филогении и предсказания генов

5. Объем дисциплины и виды учебной работы по рабочему учебному плану

Виды учебной работы	Всего часов	Количество часов по семестрам							
		5 сем.	___ сем.	___ сем.	___ сем.	___ сем.	___ сем.	___ сем.	___ сем.
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Общая трудоемкость изучения дисциплины по семестрам, в т. ч.:	**180**	**180**							
1.1. Аудиторные занятия, в т. ч.:									
1.1.1. Лекции	**36**	**36**							
1.1.2. Практические занятия тренингового типа, в т. ч.	**36**	**36**							
1.1.2.1. Обсуждение прикладных проектов (с защитой тезисов)									
1.1.2.2. Кейсы (анализ практич. ситуаций)									
1.1.2.3. Деловые игры, тренинги (а также ролевые игры, имитация ситуаций)									
1.1.3. Семинары (а также групповые обсуждения)									
1.1.4. Лабораторные работы (практическ. эксперименты, демонстрац. опыты)									
1.1.5. Другие виды аудиторных занятий: Моделирование игрового взаимодействия									

(компьютерный тренажер)									
1.2. Самостоятельная работа	**58**	**58**							
2. Консультации									
3. Письменные домашние задания									
4. Контрольные работы	**50**	**50**							
5. Курсовые работы									
6. Эссе и рефераты									
7. Расчетно-графические работы									
8. Другие методы и формы занятий **									
9. Форма текущего контроля: Устный опрос на семинаре и тестирование умений									
10. Форма промежуточного контроля: модуль									
11. Форма итогового контроля: экзамен									

6. Методика формирования итоговой оценки

Распределение весов по формам контроля и оценки академической успеваемости

	Вес формы текущего контроля в результирующей оценке текущего контроля			Вес формы промежуточного контроля и результирующей оценки текущего контроля в итоговой оценке промежуточного контроля			Вес итоговых оценок промежуточных контролей в результирующей оценке промежуточного контроля	Вес оценки результирующей оценки промежуточных контролей и оценки итогового контроля в результирующей оценке итогового контроля
Вид учебной работы/контроля	**М1**	**М2**	**М3**	**М1**	**М2**	**М3**		
Контрольная работа								
Тест								
Курсовая работа								
Лабораторные работы								
Письменные домашние задания								
Эссе								
Другие формы Семинар								
Другие формы (добавить)								

Другие формы (добавить)								
Вес результирующей оценки текущего контроля в итоговых оценках промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 1-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей							0.5	
Вес итоговой оценки 2-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей							0.5	
Вес итоговой оценки 3-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей т.д.								
Вес результирующей оценки промежуточных контролей в результирующей оценке итогового контроля								1
Экзамен/зачет (оценка итогового контроля)								0
	∑ = 1	**∑ = 1**	**∑ = 1**	**∑ = 1**	**∑ = 1**	**∑ = 1**	**∑ = 1**	**∑ = 1**

7. Содержание дисциплины:

7.1. Тематический план (Разделы дисциплины и виды занятий) по учебному плану:

Разделы и темы дисциплины	**Всего ак. часов**	**Лекции,**	**Практ. занят**	**Семинары, ак. часов**	**Лабор, ак. часов**	**Контрольная работа**

		ак. часов	ия, ак. часов			
1	**3=4+5+6 +7+8**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**
Тема 1. Введение, базы данных нуклеиновых кислот, форматы хранения данных	**4**	**2**	**2**			
Тема 2. Технологии секвенирования ДНК и РНК	**8**	**4**	**4**			
Тема 3. Парное выравнивание	**12**	**6**	**6**			
Тема 4. Множественное выравнивание	**12**	**6**	**6**			
Тема 5. Филогенетический анализ	**12**	**6**	**6**			
Тема 6. Предсказание генов	**12**	**6**	**6**			
Тема 7..Анализ экспрессии генов	**12**	**6**	**6**			
Всего	**72**	**36**	**36**			

7.2. Содержание разделов и тем дисциплины:

Тема 1. Введение, базы данных нуклеиновых кислот, форматы хранения данных

Биоинформатика, основные типы исследовательских задач. Структура ДНК, формы ДНК. Форматы хранения последовательностей нуклеиновых кислот FASTA и GenBank. Типы аннотаций в формате GenBank. Базы данных нуклеиновых кислот (NCBI, EMBL, DDBJ). Поиск в базах данных.

Тема 2. Технологии секвенирования ДНК и РНК

Секвенирование по синтезу. Секвенирование 1-ого поколения (секвенирование по Сангеру). Технологии секвенирования 2-ого поколения. Одно- и парно-концевое секвенирование. Технологии секвенирования 3-ого поколения (Oxford Nanopore и PacBio). Выравнивание на геном и сборка геномов. Аннотация геномов. Геномные браузеры.

Тема 3. Парное выравнивание

Выравнивание нуклеиновых последовательностей. Понятия идентичности, схожести. Гомологи, паралоги, ортологи, ксенологи. Пайплайн парного выравнивания. Динамическое программирование. Глобальное выравнивание (алгоритм Нидлмана-Вунша). Локальное выравнивание (алгоритм Смита-Вотермана) Значимость и качество выравнивания. Идентификация и маскировка повторов с помощью программы RepeatMasker.

Тема 4. Множественное выравнивание

Эвристические алгоритмы BLAST иFASTA. Оценка значимости и качества выравнивания BLAST иFASTA. Веб-интерфейс BLAST. Прогрессивное динамическое программирование. Множественное выравнивание. ClustalW.

Тема 5. Филогенетический анализ

Терминология филогенетических деревьев. Типы деревьев. Методы построения филогенетических деревьев. Методы, основанные на метриках расстояний. Методы, основанные на последовательностях. Пакет программ PHYLIP. Метод UPGMA. Метод Neighbor Joining. Метод максимальной парсимонии.

Тема 6. Предсказание генов
Организация геномов про- и эукариот. Способы предсказания генов. Методы, основанные на открытых рамках считывания. Программа ORF Finder. Скрытые Марковские модели (СММ). Алгоритм предсказания генов с использованием СММ.

Тема 7. Анализ экспрессии генов
Технологии исследования транскриптома. Типы и применение микрочипов. РНК секвенирования. Gene Expression Omnibus. Анализ экспрессии генов с помощью GEO2R. Программные пакеты limma, DeSeq2 и oposSOM. Методы функциональной аннотации результатов анализа экспрессии генов. Ресурсы Gene Ontology, KEGG и String. Пакет функциональной аннотации Enrichr.

7.3 Примерные темы контрольных работ

8. Учебно-методическое обеспечение дисциплины
8.1. Рекомендуемая литература:
Caroline St. Clair, Jonathan E. Visick. Exploring bioinformatics : a project-based approach, second edition. Burlington, MA : Jones & Bartlett Learning, 2015.

б) Другие источники
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/
https://www.ebi.ac.uk/services
https://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html
https://www.jalview.org/

Материально-техническое обеспечение дисциплины
Компьютер, проектор, мультимедийные средства, программное обеспечение и т.д.

8.2. Материально-техническое обеспечение дисциплины
Компьютер, проектор, мультимедийные средства, программное обеспечение и т.д.