

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ (НИ ТГУ)

САЕ Институт «Умные материалы и технологии»

УТВЕРЖДЕНО:

Директор

И. А. Курзина

Рабочая программа дисциплины

Практикум по биоинформатике

по направлению подготовки

04.04.01 Химия

27.04.05 Инноватика

Направленность (профиль) подготовки:

Молекулярная инженерия

Форма обучения

Очная

Образовательная степень

Магистр

Квалификация

Инженер-исследователь

Год приема

2024

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП

И.А. Курзина

Председатель УМК

Г.А. Воронова

Томск – 2024

1. Цель и планируемые результаты освоения дисциплины (модуля)

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

ОПК-1. Способен анализировать, обобщать и использовать фундаментальные и прикладные знания в области биотехнологии для решения существующих и новых задач в профессиональной области.

ОПК-2. Способен анализировать, интерпретировать, обобщать результаты экспериментальных и расчетнотеоретических работ в профессиональной области.

ПК-2. Способен к решению профессиональных производственных задач.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

РООПК-1.1. Знает основные теоретические положения, экспериментальные и расчетные методы, применяемые в профессиональной области

РООПК-1.2. Знает теоретические основы инструментальных методов исследования веществ и материалов.

РООПК-2.1. Знает основные требования к методам обработки результатов экспериментальных и расчетно-теоретических работ в профессиональной области.

РООПК-2.2. Умеет анализировать, интерпретировать и обобщать данные, представленные в литературе и полученные в результате проведенных исследований в профессиональной области.

РОПК-2.1. Анализировать имеющиеся нормативные документы по системам стандартизации, разработки и производству химической и биотехнологической продукции и предлагать технические средства для решения поставленных задач.

РОПК-2.2. Организует и осуществляет контроль технологического процесса, входной контроль сырья и материалов, контроль качества выпускаемой продукции.

2. Задачи освоения дисциплины

- формирование базовых знаний о различных ресурсах и их организации содержащих информацию и программы для анализа биологических данных;

- практическое освоение методов биоинформатического анализа на примере одного из участков генома человека;

- формирование основных навыков и приобретение практического опыта, необходимого для проведения самостоятельных научных исследований в области биоинформатического анализа.

3. Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы

Дисциплина относится к Блоку 1 «Дисциплины (модули)».

Дисциплина относится к части образовательной программы, формируемой участниками образовательных отношений, предлагается обучающимся на выбор.

4. Семестр(ы) освоения и форма(ы) промежуточной аттестации по дисциплине

Семестр 3, зачёт с оценкой

5. Входные требования для освоения дисциплины

Для успешного освоения дисциплины требуются компетенции, сформированные в ходе освоения образовательных программ предшествующего уровня образования.

Для успешного освоения дисциплины требуются результаты обучения по следующим дисциплинам: Химия, Биология, Прикладная математика и информатика, Биотехнология.

6. Язык реализации

Русский

7. Объем дисциплины (модуля)

Общая трудоемкость дисциплины составляет 4 з.е., 144 часов, из которых:

– лекции: 12 ч.;

– практические занятия: 20 ч.;

в том числе практическая подготовка: 60 ч.

Объем самостоятельной работы студента определен учебным планом.

8. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам

Тема 1. Функциональные элементы генома Геном.

Доля транскрибируемой ДНК. Мусорная ДНК. Информационная емкость. Реализация ДНК как генетического материала. Анализ первичной структуры ДНК и её функции. Проект ENCODE. Гены человека. Псевдогены, их классификация. Процессированные псевдогены. Механизмы функционального действия процессированных псевдогенов. Регуляторные участки в геноме: промотор, ТАТА-бокс, энхансер, сайленсер, инсультатор. Повторяющиеся последовательности в ДНК. Тандемные повторы: микросателлиты, минисателлиты и сателлиты. Болезни экспансии тринуклеотидных повторов. Диспергированные повторы: транспозоны и ретротранспозоны. Открытие мобильных элементов. Полиморфизм ДНК. Функционирование вторичной структуры ДНК. G-квадруплексы в промоторах и теломерах.

Тема 2. Основные ресурсы для анализа функциональных элементов генома.

Сервер NCBI. Основные базы данных расположенные на нём: GenBank, Genome, Gene, dbSNP, dbEST, UniGene, PubMed, OMIM, Protein, и другие. Запросы онлайн. Перекрёстный анализ. Скачивание данных для локального анализа.

Тема 3. Геномные баузеры.

Геномные баузеры: MapView, USCS, ensemble. Устройство и пользование баузером USCS. Создание индивидуальных сессий. Обмен информацией в сессиях. Сборки геномов. Трэки, управление и настройки трэков. Трэк гены. Сравнение различных аннотаций генов человека. Трэки мРНК и EST. Совместный анализ трэков гены, мРНК и EST.

Тема 4. Анализ структуры локуса генома человека.

Кодирующие и некодирующие РНК. lncRNA, miRNA. Псевдогены. Повторяющиеся последовательности. Семейство Alu повторов.

Тема 5. Экспрессионный анализ.

Анализ данных микрочипов Affymetrix. Устройство пробсета. База данных BioGPS. Анализ данных RNAseq разных проектов. Количественный и качественный анализ. Выбор вида представления данных. Экспрессионный анализ по клеточным культурам, по локализации транскриптов, различным условиям обработки клеточных культур, фракции полиА+ или полиА-. Сравнение структуры генов, РНК и EST. Данные Fantom5.

Тема 6. Изучение регуляции локуса.

Регуляция с помощью miRNA. CLASH data. Антисмысловые взаимодействия. Транскрипционные факторы. Гистоновые модификации. Метилирование. Чувствительность к ДНКазам.

Тема 7. Исследование кодирующего потенциала гена.

Поиск открытой рамки считывания. Определение белковых изоформ продукта. Анализ доменной структуры белка. Онлайн инструменты: CDS, CDART. База данных Pfam.

Тема 8. Анализ функции белка.

Выявление белковых партнёров. Пост-трансляционные модификации белка. Предсказание функции белка на основе его взаимодействий с белками-партнерами. Анализ данных базы «IntAct Molecular Interaction Database». Анализ клеточных путей. База данных neXtProt. Данные проекта «The human protein atlas». PeptideAtlas. Uniprot.

Тема 9. Сравнительно-геномный анализ локуса.

Консервативность гена, эволюция локуса. Ортологи, паралоги, гомологи. Анализ генов паралогов в геноме человека.

Тема 10. Особенности анализа экспрессии генов.

Особенности анализа экспрессии генов в опухолях и при исследовании хронических заболеваний человека База данных GEO. Датасеты, их устройство. Депонирование данных. Инструменты для анализа данных. GEO2R.

Тема 11. Анализ мутации в генах.

Мутации, их классификация. Синонимичные и несинонимичные замены. Полиморфизм в гене. вариации дозы гена. Функциональный анализ мутации. Предсказательные подходы: консервативность, программы Mutation taster, PolyPhen-2, SIFT+Provean. Экспериментальные методы.

9. Текущий контроль по дисциплине

Текущий контроль по дисциплине проводится путем тестирования, устного опроса, выполнения индивидуального задания и реферата и фиксируется в форме контрольной точки не менее одного раза в семестр.

10. Порядок проведения и критерии оценивания промежуточной аттестации

Зачет с оценкой в третьем семестре проводится устной форме по билетам. Продолжительность зачета 1,5 часа.

Оценочные материалы для проведения промежуточной аттестации размещены на сайте ТГУ в разделе «Информация об образовательной программе» – <https://www.tsu.ru/sveden/education/eduop/>.

11. Учебно-методическое обеспечение

а) Электронный учебный курс по дисциплине в электронном университете «Moodle» – <https://moodle.tsu.ru/course/view.php?id=00000>

б) Оценочные материалы текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине (<https://www.tsu.ru/sveden/education/eduop/>).

12. Перечень учебной литературы и ресурсов сети Интернет

а) основная литература

– Applied Bioinformatics: An Introduction. Selzer, Paul Maria, Marhöfer, Richard, Rohwer, Andreas. 2008, XIV, 287 p.

– Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics / Jonathan Pevsner. - 2nd ed.. - Hoboken : Wiley-Blackwell, 2009. - XXVIII, 951 p., [8] p. of plates: ill..

б) дополнительная литература

– Systems and Synthetic Biology. Editors-in-Chief: R. Weiss; P.K. Dhar.

в) ресурсы сети Интернет:

– Научно-библиографические и патентные базы данных в области биологии, доступные по сети Интернет в бесплатном режиме - Science Citation Index (Web of Science), Medline (PubMed), Научная электронная библиотека (НЭБ), Российская патентная БД ФГУ ФИПС;

– Электронные адреса крупных научных издательств, предоставляющих доступ к полным текстам текущих и архивным выпускам этих журналов.

13. Перечень информационных технологий

а) лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение:

– Microsoft Office Standart 2013 Russian: пакет программ. Включает приложения: MS Office Word, MS Office Excel, MS Office PowerPoint, MS Office On-eNote, MS Office Publisher, MS Outlook, MS Office Web Apps (Word Excel MS PowerPoint Outlook);

– публично доступные облачные технологии (Google Docs, Яндекс диск и т.п.).

б) информационные справочные системы:

– Электронный каталог Научной библиотеки ТГУ – <http://chamo.lib.tsu.ru/search/query?locale=ru&theme=system>

– Электронная библиотека (репозиторий) ТГУ – <http://vital.lib.tsu.ru/vital/access/manager/Index>

– ЭБС Лань – <http://e.lanbook.com/>

– ЭБС Консультант студента – <http://www.studentlibrary.ru/>

– Образовательная платформа Юрайт – <https://urait.ru/>

– ЭБС ZNANIUM.com – <https://znanium.com/>

– ЭБС IPRbooks – <http://www.iprbookshop.ru/>

14. Материально-техническое обеспечение

Аудитории для проведения занятий лекционного типа.

Аудитории для проведения занятий семинарского типа, индивидуальных и групповых консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации.

Помещения для самостоятельной работы, оснащенные компьютерной техникой и доступом к сети Интернет, в электронную информационно-образовательную среду и к информационным справочным системам.

15. Информация о разработчиках

Воробьев Ростислав Сергеевич, лаборатория биоразнообразия и экологии, Обособленное структурное подразделение "Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета", младший научный сотрудник.