

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

Химический факультет

УТВЕРЖДЕНО:
И.о. декана
А. С. Князев

Рабочая программа дисциплины

Практикум по биоинформатике

по направлению подготовки

04.04.01 Химия

Направленность (профиль) подготовки:
Трансляционные химические и биомедицинские технологии

Форма обучения
Очная

Квалификация
Магистр

Год приема
2024

СОГЛАСОВАНО:
Руководитель ОП
И.А. Курзина

Председатель УМК
В.В. Шелковников

Томск – 2024

1. Цель и планируемые результаты освоения дисциплины

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

ПК-1 Способен планировать работу и выбирать адекватные методы решения научно-исследовательских и/или производственных задач в выбранной области химии, химической технологии или смежных с химией науках.

ПК-3 Способен к решению профессиональных производственных задач.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИПК 1.1 Разрабатывает стратегию научных исследований, составляет общий план и детальные планы отдельных стадий

ИПК 1.2 Выбирает экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, используя достижения современной химической науки, и исходя из имеющихся, материальных, информационных и временных ресурсов

ИПК 1.3 Использует современное физико-химическое оборудование для получения и интерпретации достоверных результатов исследования в выбранной области химии, химической технологии или смежных с химией науках, применяя взаимодополняющие методы исследования. Проводит поиск, анализирует и обобщает результаты патентного поиска по тематике исследовательской работы

ИПК 3.1 Анализирует имеющиеся нормативные документы по системам стандартизации, разработки и производству химической продукции и предлагает технические средства для решения поставленных задач

ИПК 3.2 Производит оценку применимости стандартных и/или предложенных в результате НИР технологических решений на применимость с учетом специфики изучаемых процессов

2. Задачи освоения дисциплины

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

– Практическое освоение методов биоинформационического анализа на примере одного из участков генома человека;

– Формирование основных навыков и приобретение практического опыта, необходимого для проведения самостоятельных научных исследований в области биоинформационического анализа.

3. Место дисциплины 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. Дисциплина входит в модуль Дисциплины по выбору 3 (ДВ.3).

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

Третий семестр, зачет с оценкой

5. Входные требования для освоения дисциплины

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

6. Язык реализации

Русский

7. Объем дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 з.е., 108 часов, из которых:

-лекции: 12 ч.

-практические занятия: 20 ч.

в том числе практическая подготовка: 20 ч.

Объем самостоятельной работы студента определен учебным планом.

8. Содержание дисциплины, структурированное по темам

Тема 1. Функциональные элементы генома Геном.

Доля транскрибуемой 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, инсулитор. 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 полиA+ или полиA-. Сравнение структуры генов, РНК и EST. Данные Fantom5.

Тема 6. Изучение регуляции локуса.

Регуляция с помощью miRNA. CLASH data. Антисмыловые взаимодействия. Транскриционные 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 контроля посещаемости, контроля введения конспектов, проверки самостоятельной работы студента, решения задач и фиксируется в форме контрольной точки не менее одного раза в семестре.

Оценочные материалы текущего контроля размещены на сайте ТГУ в разделе «Информация об образовательной программе» - <https://www.tsu.ru/sveden/education/eduop/>.

10. Порядок проведения и критерии оценивания промежуточной аттестации

Зачет с оценкой в третьем семестре проводится в устной форме по билетам. Экзаменационный билет состоит из трех вопросов. Продолжительность зачета с оценкой 1 час.

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) Оценочные материалы текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.

б) План практических занятий по дисциплине.

в) Методические указания по организации самостоятельной работы студентов.

12. Перечень учебной литературы и ресурсов сети Интернет

а) основная литература:

- Computational Biology and Applied Bioinformatics. Edited by Heitor Silverio Lopes and Leonardo Magalhães Cruz, ISBN 978-953-307-629-4, 456 pages, Publisher: InTech, Chapters published September 02, 2011 under CC BY-NC-SA 3.0 license. DOI: 10.5772/772
- Applied Bioinformatics: An Introduction. Selzer, Paul Maria, Marhöfer, Richard, Rohwer, Andreas. 2008, XIV, 287 p.

6) дополнительная литература

- Bioinformatics for High Throughput Sequencing. Rodríguez-Ezpeleta, Naiara, Hackenberg, Michael, Aransay, Ana M. (Eds.). 2012, XI, 255 p.
- Bioinformatics. Tools and Applications. Edwards, David, Stajich, Jason, Hansen, David (Eds.). 2009, XII, 451 p.
- 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.

Лаборатории, оборудованные ...

Аудитории для проведения занятий лекционного и семинарского типа индивидуальных и групповых консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации в смешенном формате («Актру»).

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.