


Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский
государственный университет» (Новосибирский государственный университет, НГУ)

Факультет естественных наук


Согласовано
Декан ФЕН
Резников В.А.

подпись
« 17 » августа 2021 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III:
Методы анализа генетических текстов

направление подготовки: 06.04.01 Биология
направленность (профиль): Биология

Форма обучения: очная

Разработчики:

Доцент кафедры информационной биологии
к.б.н. Левицкий В.Г.

Зав.каф. информационной биологии ФЕН НГУ
академик РАН Колчанов Н.А.

Руководитель программы:

д.б. н., профессор Рубцов Н.Б.

Новосибирск, 2021

Содержание

Содержание	2
1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы	3
2. Место дисциплины в структуре образовательной программы	3
3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося	4
4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий.....	4
5. Перечень учебной литературы	5
6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся..	6
7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины	6
8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине	6
9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине	7
10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.....	7
Приложение 1 Аннотация по дисциплине	
Приложение 2 Оценочные средства по дисциплине	

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

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	Индикаторы	Результаты обучения по дисциплине
ПК-3. Способен проводить научно-исследовательские разработки при исследовании самостоятельных тем	ПК-3.1. Применяет теоретические и эмпирические модели при планировании и реализации научных исследований	знает способы представления информации в геномных базах данных, типы функциональных кодов геномной ДНК
	ПК-3.2. Участвует в разработке общего плана реализации эксперимента и отдельных этапов его выполнения.	знает достоинства и недостатки методов распознавания функциональных сайтов в геномной ДНК, основные способы конвейерной обработки данных массового анализа
ПК-4. Способен на основе критического анализа результатов НИР оценивать перспективы их практического применения и продолжения работ в области биологии, охраны окружающей среды или смежных с биологией науках.	ПК-4.1. Систематизирует информацию, полученную в ходе НИР, анализирует ее и сопоставляет с литературными данными.	владеет основными методами поиска и анализа информации по молекулярно-биологической тематике
	ПК-4.2. Определяет возможные направления развития работ и перспективы полученных результатов.	умеет самостоятельно делать запросы в геномные базы данных и извлекать их результаты, находить данные по виду организма/гену/метаболическому пути или термину геномной онтологии с помощью баз данных; рассчитывать статистические характеристики, используемые для сравнения точности разных методов распознавания

2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплины (практики), изучение которых необходимо для освоения дисциплины **Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: Методы анализа генетических текстов:**

- Молекулярная биология;
- Генетика;
- Биометрия;
- Математическая статистика.

Дисциплины (практики), для изучения которых необходимо для освоения дисциплины **Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: Методы анализа генетических текстов:**

- Организация и функционирование молекулярно-генетических систем 4: генные сети;
- Эволюционная биология 1: теория молекулярной эволюции.
- Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных

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

Трудоемкость дисциплины – 2 з.е. (72 ч)

Форма промежуточной аттестации: 2 семестр – экзамен

№	Вид деятельности	Семестр
		2
1	Лекции, ч	26
2	Практические занятия, ч	6
3	Лабораторные занятия, ч	
4	Занятия в контактной форме, ч из них	36
5	из них аудиторных занятий, ч	32
6	в электронной форме, ч	
7	консультаций, час.	2
8	промежуточная аттестация, ч	2
9	Самостоятельная работа, час.	36
10	Всего, ч	72

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

2 семестр
Лекции (26 ч)

Наименование темы и их содержание	Объем, час
Раздел 1 Операции с последовательностями, доступ к данным и форматы данных. Базы данных последовательностей ДНК EMBL и GenBank.	
1. Наименование темы 1 Операции с последовательностями, доступ к данным и форматы данных. Базы данных последовательностей ДНК EMBL и GenBank.	2
Раздел 2 Обзор задач биоинформатики, связанных с анализом и обработкой текстовых последовательностей.	
1. Обзор задач биоинформатики, связанных с анализом и обработкой текстовых последовательностей.	2
Раздел 3 Типы функциональных кодов геномной ДНК	
1. Типы функциональных кодов геномной ДНК	2
Раздел 4 Геномные базы данных	
1. Геномные базы данных, NCBI, UCSC, Blat, Gencode, HGNC	2

2. Геномные базы данных, модельные организмы, геномная онтология	2
3. Геномные базы данных, GEO, ArrayExpress, ModEncode, Encode, GTRD	2
Раздел 5 Методы предсказания структуры генов эукариот.	
1. Методы предсказания структуры генов эукариот.	2
Раздел 6 Статистические характеристики, используемые для сравнения точности разных методов распознавания.	
1. Статистические характеристики, используемые для сравнения точности разных методов распознавания.	2
Раздел 6 Вторичная обработка результатов экспериментов ChIP-seq, RNA-seq	
1. Вторичная обработка результатов экспериментов ChIP-seq, RNA-seq	2
Раздел 7 Анализ полногеномных разметок пиков ChIPseq: наложения разметок на структурную разметку генов, полногеномные пермутационные тесты	
1. Анализ полногеномных разметок пиков ChIPseq: наложения разметок на структурную разметку генов, полногеномные пермутационные тесты	2
Раздел 8 Распознавание сайтов связывания транскрипционных факторов с помощью результатов экспериментов ChIP-seq, RNA-seq	
1. Распознавание сайтов связывания транскрипционных факторов с помощью результатов экспериментов ChIP-seq, RNA-seq	2
Раздел 9 Распознавание композиционных элементов с помощью результатов экспериментов ChIP-seq, RNA-seq	
1. Распознавание композиционных элементов с помощью результатов экспериментов ChIP-seq, RNA-seq	2
Раздел 10 Применение метода геномной онтологии для анализа данных экспериментов ChIP-seq и RNA-seq	
1. Применение метода геномной онтологии для анализа данных экспериментов ChIP-seq и RNA-seq	2

Практические занятия (6 ч)

Содержание практического занятия	Объем, час
Практические занятия по темам лекций	6

Самостоятельная работа студентов (36 ч)

Перечень занятий на СРС	Объем, час
Изучение теоретического материала, освещаемого на лекциях	24
Подготовка к экзамену	12

5. Перечень учебной литературы

5.1 Основная литература

1. Бородовский М., Екишева С. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей. – М.: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2008. – 440 с.
2. Игнасимуто С. Основы биоинформатики. – М.: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2007. – 320 с.
3. Дурбин Р., Эдди Ш., Крэг А., Митчисон Г. Анализ биологических последовательностей. – М.: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2006. – 480 с.

4. Леск А. Введение в биоинформатику. – М.: Бином. Лаборатория знаний, 2009. – 318 с.

5.2 Дополнительная литература

5. Системная компьютерная биология. Под редакцией: Н.А. Колчанов, В.А. Лихошвай, С.С. Гончаров, В.А. Иванисенко, Новосибирск: Сибирское отделение Российской академии наук, 2008. — 768с

6. Сетубал Ж., Мейданис Ж. Введение в вычислительную молекулярную биологию. – М.: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2007. – 420 с.

6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся

7. Видеолекции на сайте кафедры информационной биологии.

7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины

Освоение дисциплины используются следующие ресурсы:

- электронная информационно-образовательная среда НГУ (ЭИОС);
- образовательные интернет-порталы;

• Русскоязычный портал молекулярных биологов – (<http://www.molbiol.ru>)

• Факультет биоинженерии и биоинформатики Московского Государственного Университета (<http://www.fbb.msu.ru/>)

- информационно-телекоммуникационная сеть Интернет.

Взаимодействие обучающегося с преподавателем (синхронное и (или) асинхронное) осуществляется через личный кабинет студента в ЭИОС, электронную почту.

7.1 Современные профессиональные базы данных:

- Многофункциональные базы данных PubMed (<http://www.pubmed.com>), Ensembl (<http://www.ensembl.org>), UCSC Genome Browser (<http://genome.ucsc.edu/>) (английский язык).

7.2. Информационные справочные системы

- ...Словарь терминов биоинформатики (англ.)

http://bio.fizteh.ru/student/files/bioinformatics/books/glossary_bioinf.htm;

8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине

8.1 Перечень программного обеспечения
ОС Windows и Microsoft Office

8.2 Информационные справочные системы
Не используются

9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине

Для реализации дисциплины **Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: Методы анализа генетических текстов** используются специальные помещения:

1. Учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля, промежуточной и итоговой аттестации;

2. Помещения для самостоятельной работы обучающихся;

Учебные аудитории укомплектованы специализированной мебелью и техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду НГУ.

Для проведения занятий лекционного типа предлагаются следующие наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий:

- комплект лекций-презентаций по темам дисциплины.

Материально-техническое обеспечение образовательного процесса по дисциплине для обучающихся из числа лиц с ограниченными возможностями здоровья осуществляется согласно «Порядку организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья в Новосибирском государственном университете».

10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

Перечень результатов обучения по дисциплине **Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: Методы анализа генетических текстов** и индикаторов их достижения представлен в виде знаний, умений и владений в разделе 1.

10.1 Порядок проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

Текущий контроль успеваемости:

Текущий контроль осуществляется по контролю посещения лекционных занятий.

Промежуточная аттестация:

Итоговая оценка учебной деятельности студента производится с помощью экзамена, который проходит в форме собеседования. Целью проверки является не выявление механического запоминания информации, а контроль понимания предмета. Это понимание состоит не только в знаниях, но и в умении ими творчески воспользоваться, что становится возможно только на основе понимания причинно-следственных связей, заложенных в приобретенных знаниях. Студент не только должен знать, что делать для выполнения конкретной задачи, он должен также понимать (1) зачем целесообразно применять конкретный механизм решения задачи и (2) как достичь цели наиболее эффективным способом. Оценивается результат экзамена по пятибалльной шкале.

Описание критериев и шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: Методы анализа генетических текстов

Таблица 10.1

Код компетенции	Индикатор	Результат обучения по дисциплине	Оценочное средство
ПК-3	ПК-3.1. Применяет теоретические и эмпирические модели при планировании и реализации научных исследований	знает способы представления информации в геномных базах данных, типы функциональных кодов геномной ДНК	Экзамен
	ПК-3.2. Участвует в разработке общего плана реализации эксперимента и отдельных этапов его выполнения.	знает достоинства и недостатки методов распознавания функциональных сайтов в геномной ДНК, основные способы конвейерной обработки данных массового анализа	Экзамен
ПК-4	ПК-4.1. Систематизирует информацию, полученную в ходе НИР, анализирует ее и сопоставляет с литературными данными.	владеет основными методами поиска и анализа информации по молекулярно-биологической тематике	Экзамен
	ПК-4.2. Определяет возможные направления развития работ и перспективы полученных результатов.	умеет самостоятельно делать запросы в геномные базы данных и извлекать их результаты, находить данные по виду организма/гену/метаболическому пути или термину геномной онтологии с помощью баз данных; рассчитывать статистические характеристики, используемые для сравнения точности разных методов распознавания	Экзамен

Таблица 10.2

Критерии оценивания результатов обучения	Шкала оценивания
<p>Экзамен:</p> <ul style="list-style-type: none"> – свободное владение теоретическим и фактическим материалом, – полнота понимания и изложения вопросов билета, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, отсутствие затруднений при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий , – наличие исчерпывающих ответов на дополнительные вопросы. <p>При изложении ответа на вопрос(ы) экзаменационного билета</p>	<i>Отлично</i>

<p>обучающийся мог допустить непринципиальные неточности.</p>	
<p><u>Экзамен:</u> – владение теоретическим и фактическим материалом, – полнота понимания и изложения вопросов билета, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие полных ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок.</p>	<p><i>Хорошо</i></p>
<p><u>Экзамен:</u> – недостаточное владение теоретическим и фактическим материалом, – частичное понимание и неполное изложение вопросов билета, – самостоятельность и осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации, а также затруднений при формулировке собственных суждений, – корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие неполных и/или содержащих существенные ошибки ответов на дополнительные вопросы.</p>	<p><i>Удовлетворительно</i></p>
<p><u>Экзамен:</u> – фрагментарное и недостаточное понимание теоретического и фактического материала, – отсутствие осмысленности, структурированности, логичности и аргументированности в изложении материала, – грубые ошибки в применении терминов и понятий, – отсутствие ответов на дополнительные вопросы.</p>	<p><i>Неудовлетворительно</i></p>

Типовые контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения

Примеры теоретических вопросов к экзамену по курсу «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы анализа генетических текстов»

- С помощью карточек баз данных EMBL и GenBank пояснить термины: структура генов эукариот. Альтернативный сплайсинг. Основные типы информации, используемой для распознавания генов;
- С помощью визуализации геномного браузера пояснить понятия: коды трансляции; коды нуклеосомной организации ДНК; коды доменно-петлевой организации ДНК; коды пространственной структуры белков;
- Каким образом оценка точности метода распознавания может быть использована для анализа полногеномных данных по иммунопреципитации хроматина (эксперимент ChIP-Seq)?

Оценочные материалы по промежуточной аттестации (приложение 2), предназначенные для проверки соответствия уровня подготовки по дисциплине требованиям ФГОС, хранятся на кафедре-разработчике РПД в печатном и электронном виде.

**Лист актуализации рабочей программы дисциплины
«Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы
анализа генетических текстов»**

№	Характеристика внесенных изменений (с указанием пунктов документа)	Дата и № протокола Ученого совета ФЕН	Подпись ответственного