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
«___» _____ 20___ г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

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

направление подготовки: 06.03.01 Биология
направленность (профиль): Информационная биология

Форма обучения: очная

Разработчики:

к.б.н., доцент Левицкий В.Г.

Зав.каф. Информационной биологии
академик РАН Колчанов Н.А.

Руководитель программы:
д.б. н., профессор Шестопалова Л.В.

Новосибирск, 2020

Содержание

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы3

2. Место дисциплины в структуре образовательной программы4

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 обучающегося4

4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий5

5. Перечень учебной литературы6

6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся6

7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины6

8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине7

9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине7

10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине7

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)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
ОПК-7 владеть базовыми представлениями об основных закономерностях и современных достижениях генетики и селекции, о геномике, протеомике	- способы представления информации в геномных базах данных, - типы функциональных кодов геномной ДНК, - достоинства и недостатки методов распознавания функциональных сайтов в геномной ДНК, - основные способы конвейерной обработки данных массового анализа		
ОПК-14 способность и готовность вести дискуссию по социально-значимым проблемам биологии и экологии			- основными методами поиска информации по молекулярно-биологической тематике, уметь составлять выборки данных.
ПК-8 способность использовать основные технические средства поиска научно-биологической информации,		- 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,	

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
универсальные пакеты прикладных компьютерных программ, создавать базы экспериментальных биологических данных, работать с биологической информацией в глобальных компьютерных сетях		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 IV: генные сети;

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: 8 семестр – экзамен

№	Вид деятельности	Семестр
		8
1	Лекции, ч	26
2	Практические занятия, ч	
3	Лабораторные занятия, ч	
4	Занятия в контактной форме, ч из них	30

5	из них аудиторных занятий, ч	26
6	в электронной форме, ч	
7	консультаций, час.	2
8	промежуточная аттестация, ч	2
9	Самостоятельная работа, час.	42
10	Всего, ч	72

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

8 семестр

Лекции (17 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 1Операции 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 онтологи	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

Самостоятельная работа студентов (72 ч)

Перечень занятий на СРС	Объем, час
Изучение теоретического материала, освещаемого на лекциях	30
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. Игнасимуту С. Основы биоинформатики. – М.: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2007. – 320 с.

3. Дурбин Р., Эдди Ш., Крог 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 MicrosoftOffice
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	**Результат обучения по дисциплине**	**Оценочное средство**
ОПК-7	Знание способов представления информации в геномных базах данных, - типов функциональных кодов геномной ДНК, - достоинств и недостатков методов распознавания функциональных сайтов в геномной ДНК, - основных способов конвейерной обработки данных массового анализа	Экзамен
ОПК-14	Владение основными методами поиска информации по молекулярно-биологической тематике, уметь составлять выборки данных.	Экзамен
ПК-8	Умение 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**
<u>Экзамен:</u> – свободное владение теоретическим и фактическим материалом, – полнота понимания и изложения вопросов билета, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала,	*Отлично*

отсутствие затруднений при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий , – наличие исчерпывающих ответов на дополнительные вопросы. При изложении ответа на вопрос(ы) экзаменационного билета обучающийся мог допустить непринципиальные неточности.	
<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.	*Хорошо*
<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.	*Удовлетворительно*
<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.	*Неудовлетво-рительно*

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, использующейся 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