

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 IV: Генные сети

направление подготовки: 06.03.01 Биология

направленность (профиль): Информационная биология

Форма обучения: очная

Разработчики:

к.б.н. доцент Игнатъева Е.В. \_\_\_\_\_

Зав. каф. информационной биологии ФЕН НГУ  
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 программы.....	3
2. Место дисциплины в структуре образовательной программы .....	4
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.....	5
5. Перечень учебной литературы .....	8
6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся..	9
7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины .....	9
8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине .....	10
9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине .....	10
10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.....	11
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 Владение базовыми представлениями об основных закономерностях и современных достижениях генетики и селекции, о геномике, протеомике	- базовые принципы организации геномных сетей		
ОПК-14 Способность и готовность вести дискуссию по социально-значимым проблемам биологии и экологии			- аналитическим стилем мышления при исследовании закономерностей организации и механизмов генетического контроля функционирования живых систем, - навыками, направленными на исследование закономерностей организации и механизмов генетического контроля функционирования живых систем
ПК-8 Способность использовать основные технические средства поиска научно-биологической информации, универсальные пакеты прикладных компьютерных программ, создавать базы экспериментальных биологических данных, работать с биологической	- компьютерные программы, позволяющие проводить реконструкцию геномных сетей и осуществлять их анализ	- работать с Интернет-ресурсами, содержащими полезные данные об объектах геномных сетей и связях между ними	- методологией реконструкции геномных сетей и их расширенного варианта – ассоциативных геномных сетей

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
информацией в глобальных компьютерных сетях			

## 2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплины (практики), изучение которых необходимо для освоения дисциплины Организация и функционирование молекулярно-генетических систем IV: Генные сети:

- Введение в информационную биологию;
- Генетика (генетическая информация, ген, экспрессия генов);
- Молекулярная биология (структура генома, молекулярные механизмы реализации генетической информации);
- Эмбриология;
- Физиология;
- Клеточная биология;

Дисциплины (практики), для изучения которых необходимо для освоения дисциплины Организация и функционирование молекулярно-генетических систем IV: Генные сети:

- Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III§
- При подготовке ВКР.

## 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	12
2	Практические занятия, ч	8
3	Лабораторные занятия, ч	
4	Занятия в контактной форме, ч из них	24
5	аудиторных занятий, ч	
6	в электронной форме, ч	
7	консультаций, час.	2
8	промежуточная аттестация, ч	2
9	Самостоятельная работа, час.	48
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 (12 ч)

Наименование темы и их содержание	Объем, час
<b>Раздел 1 История становления понятия «Генные сети»: концепция МГСУ</b>	
1. История становления понятия «Генные сети»: концепция МГСУ. Приложение принципов кибернетики к теоретическому описанию явлений жизни. Концепция молекулярно-генетических систем управления (МГСУ), разработанная профессором В.А.Ратнером. Блочно-модульное строение МГСУ клетки. Понятия в рамках МГСУ: сайзер, оперон, двухоперонный триггер, эпиген, генные сети. Роль обратных связей: варианты генов и генных систем с обратными связями. Строение и функционирование лактозного и триптофанового оперона у бактерий: приложение представлений, разработанных в рамках теории МГСУ. Пример реального триггера - система управления репликацией у фага лямбда. Современные представления о сложности регуляции жизненного цикла фага лямбда.	2
<b>Раздел 2 Теория генных сетей (ГС).</b>	
1. Современное определение понятия «генные сети». Обязательные типы структурных и функциональных компонентов генных сетей. Метод формализованного графического представления ГС, разработанный в рамках технологии GeneNet (разработка ИЦиГ СО РАН). Функциональные модули ГС: пути передачи сигналов, метаболические пути. Структурная классификация метаболических путей. Элементарные события в метаболических генных сетях. Пути передачи сигналов: конвергентность и дивергентность, амплификация сигнала.	1
2. Базовые принципы организации генных сетей. Существование большого разнообразия молекулярных механизмов, обеспечивающих реализацию обратных связей. Наличие в каждой сети «центральных» генов и белков. Кассетный принцип регуляции. Молекулярная бюрократия. Авторегуляция генной сети, осуществляемая благодаря функционированию регуляторных контуров с положительными и отрицательными обратными связями. Положительные и отрицательные обратные связи – обязательные компоненты генных сетей. Малые регуляторные контуры с положительными и отрицательными обратными связями.	1
3. Четыре характерных типа динамики критических переменных (повторение тезиса прошлой лекции). Пример генной сети дифференцировки и морфогенеза: регуляция дифференцировки и созревания эритроцитов. Базовый принцип организации генных сетей - иерархическая организация: (1) элементарные структурные мотивы; (2) интеграция локальных генных сетей в крупномасштабные сетевые структуры. Базовый принцип организации генных сетей - компартментализация ГС. Пример сети организменного уровня, объединяющей сети органов и тканей: генная сеть регуляции эритропоэза. Пример надорганизменной сети, объединяющей генные сети паразита и хозяина: клетка, инфицированная вирусом.	1
4. Роль транскрипционных факторов (ТФ) в генных сетях. ТФ функционируют в составе внутриклеточных сенсоров состояния клетки. Примеры сенсоров: (1) реакция на гипоксию (HIF-1alpha); (2) регуляция уровня холестерина в клетке (SREBP); (3) ответ клетки на окислительный стресс (Nrf2). Транскрипционные факторы – элементарные компоненты	1

генных сетей, определяющие их сложность: (1) ТФ могут участвовать в реализации нескольких регуляторных контуров с обратными связями (2) ТФ интегрируют различные сигналы о состоянии клетки.	
5. Генные сети в эпоху высокопроизводительного секвенирования. Транскрипционные регуляторные сети (TRN). Экспериментально-теоретические подходы к реконструкции транскрипционных регуляторных сетей. Некоторые основные понятия теории графов и их применение для классификации сетей по типам вершин и связей. Сети взаимодействий между генами / белками и их виды в зависимости от типов связей (сети белок-белковых взаимодействий, регуляторные, сети коэкспрессирующихся генов, сети, построенные на основе совместной встречаемости в текстах статей и т.д.).	1
6. Реконструкция сетей на основе данных омиксных технологий. Интернет-доступные информационные компьютерные системы, позволяющие экстрагировать данные по связям различных типов между генами/белками (STRING, GeneMANIA и др.). Компьютерная система Cytoscape – возможности реконструкции, визуализации и анализа сетей.	0,5
7. Представление информации по генным сетям и их функциональным модулям в базах данных. База данных по генным сетям GeneNet, разработанная в ИЦиГ СО РАН: графический язык представления данных, способы визуализации, информационное содержание. Базы данных, содержащие схемы метаболических и сигнальных путей, а также схемы регуляции биологических процессов различного уровня сложности: KEGG, REACTOME, BIOCARTA, MetaCyc и др. (способы визуализации, информационное содержание, возможности экстракции информации).	0,5
Раздел 3 Интеграция разрозненных источников информации по биомедицинской тематике.	
1. Обзор Интернет-ресурсов, содержащих разнообразную информацию о генах, белках, метаболитах, микроРНК, заболеваниях и др., представленную в различных форматах. Интеграция разрозненных источников информации (единый формат, единый способ графического и текстового представления, возможность выполнения поискового запроса ко всем данным). Преимущества интеграция биологических данных. Ресурсы, интегрирующие биологическую информацию из разнородных источников: ANDSystem, STRING, GeneMania, Pathway Commons. Примеры исследований, выполненных с использованием этих ресурсов.	2
Раздел 4 Реконструкция и анализ ассоциативных генных сетей	
1. Реконструкция ассоциативных генных сетей, основанная на методах автоматического анализа текстов (text-mining). Словарь MeSH терминов и компьютерные системы Meshops и Coremine. Система ANDSystem – как пример системы, использующей автоматический анализ текстов для реконструкции ассоциативных генных сетей. Источники информации. Онтологии, используемые в ANDSystem. Модуль автоматического анализа текстов в ANDSystem. Точность и полнота информации, извлеченной методом text-mining. Краткая характеристика интерфейса AndVisio, реализованного в ANDSystem. Примеры задач, которые можно решать с помощью ANDSystem. Выявление структурно-функциональных особенностей ассоциативных генных сетей. Выявление кластеров в генных сетях. Поиск регуляторных контуров. Идентификация ключевых генов, хабов. Выявление центральных вершин в генных сетях, расчет показателей центральности вершин. Определение сверхпредставленных терминов из базы	2

Gene Ontology, которыми аннотированы гены (ресурс DAVID). Приоритизация генов-кандидатов (ресурсы Endeavour, ToppGene, DIR).	
---	--

Практические занятия (8 ч)

Содержание практического занятия	Объем, час
Практическое занятие по теме база KEGG Pathway и компьютерные системы GeneMANIA и Cytoscape. Знакомство со способом представления данных в базе KEGG Pathway, возможностями и способами представления данных в системе GeneMANIA, а также системой Cytoscape. Цели занятия: (1) овладение методикой формирования списка генов на основе данных из базы KEGG Pathway; (2) овладение методом экстракции данных о белок-белковых взаимодействиях из системы GeneMANIA; (3) овладение навыками визуализации и анализа сетей в системе Cytoscape	2
Практическое занятие по теме Компьютерные системы STRING и Cytoscape. Знакомство с возможностями информационной компьютерной системы STRING и компьютерной системы визуализации и анализа данных Cytoscape. Цели занятия: (1) овладение методами экстракции данных из информационной компьютерной системы STRING; (2) визуализация и анализ сетей белок-белковых взаимодействий в системе Cytoscape; (3) сопоставление характеристик сети белок-белковых взаимодействий, полученной с помощью системы STRING, с характеристиками сети, полученной на предыдущем занятии с помощью системы GeneMANIA.	2
Практическое занятие по теме Компьютерная система ANDSystem. Пример реконструкции генной сети с использованием методов автоматического анализа текстов (text-mining). Словари названий биологических объектов, лингвистические шаблоны в системе ANDSystem. Точность и полнота информации, извлеченной методом text-mining. Приоритизация генов-кандидатов ресурсом ToppGene. Выявление сверхпредставленных терминов из базы Gene Ontology, которыми аннотированы гены из рассматриваемого списка с помощью ресурса DAVID. Цели занятия: получение представления о методе автоматического анализа текстов; знакомство с компьютерной системой ANDSystem и ресурсами ToppGene и DAVID	2
Практическое занятие по теме Знакомство с интерфейсом системы ANDVisio. Возможности поиска и фильтрации данных в ANDVisio. Выявление центральных вершин в генных сетях. Расширение генной сети с заданными условиями. Поиск путей передачи сигнала в генных сетях с помощью функции ANDVisio «Pathway Wizard». Кластеризация генных сетей. Цели занятия: овладение методами реконструкция и анализа генных сетей с помощью интерфейса ANDVisio, реализованного в системе ANDSystem.	2

Самостоятельная работа студентов (48 ч)

Перечень занятий на СРС	Объем, час
Подготовка к практическим занятиям.	32

Подготовка к контрольной работе	8
Подготовка к экзамену	8

## 5. Перечень учебной литературы

### 5.1 Основная литература

1. Введение в информационную биологию и биоинформатику : учебное пособие : [для студентов вузов : в 5 т.] / М-во образования и науки РФ, Новосиб. гос. ун-т, Сиб. отделение Рос. акад. наук, Ин-т цитологии и генетики ; под ред. Н.А. Колчанова, О.В. Вишневого, Д.П. Фурман .— Новосибирск : Редакционно-издательский центр НГУ, 2012- .— ; 24 см .— ISBN 978-5-4437-0032-8, 500 экз..Т.3: Гл.3: Теория генных сетей; Гл.4: Картирование генов, контролируемых сложные признаки человека / [Е.А. Ананько, Т.И. Аксенович, К.В. Гунбин и др.] .— , 2015 .— 297 с (доступно через Интернет <https://e-lib.nsu.ru/reader/bookView.html?params=UmVzb3VyY2UtMjI5/cGFnZTAwMQ>)
2. Колчанов Н.А., Ананько Е.А., Колпаков Ф.А., Подколотная О.А., Игнатъева Е.В., Горячковская Т.Н., Степаненко И.Л. Генные сети. // Молекулярная биология, 2000, 34, 4, 533-544.
3. Колчанов Н.А., Игнатъева Е.В., Подколотная О.А., Лихошвай В.А., Матушкин Ю.Г. Генные сети // Вавиловский журнал генетики и селекции, 2013, Том 17, № 4/2, стр.833-850
4. Презентации лекций на сайте КИБ [http://kib.nsu.ru/?page\\_id=5481](http://kib.nsu.ru/?page_id=5481)
5. Системная компьютерная биология, 2008, Новосибирск, СО РАН, 769 с.
6. The Regulatory Genome: Gene Regulatory Networks In Development And Evolution Eric Davidson. Burlington, MA:Elsevier, 2006. 304 p. ISBN: 0-12-088563-8

### 5.2 Дополнительная литература

7. Колчанов Н.А., Захаров И.К. Вадим Александрович Ратнер: биография и библиография // Вестник ВОГиС, 2005, Том 9, № 2 107-124
8. Колчанов Н.А., Подколотная О.А., Игнатъева Е.В., Хлебодарова Т.М., Проскура А.Л., Суслов В.В., Воронич Е.С., Дубовенко Е.А. Интеграция генных сетей, контролируемых физиологические функции организма // Информ. Вестник ВОГиС. 2005. Т. 9., № 2. С. 179-198.
9. Колчанов Н.А., Шиндялов И.Н. Теоретическое исследование эволюции регуляторных контуров при различных типах отбора // Проблемы генетики и теории эволюции. Ред. Шумный В.К., Колчанов Н.А., Рувинский А.О. Новосибирск: Наука, 1991. с. 268-279.
10. Мигинский Д. С. и др. Технология семантической интеграции баз данных в системной биологии // Вычислительные технологии. 2008, Том 13, №6.
11. Подколотная, О. А., Подколотная, Н. Н., & Подколотный, Н. Л. Циркадные часы млекопитающих: генная сеть и компьютерный анализ // Вавиловский журнал генетики и селекции, 2014, Том 18, №4-2, стр.928-938.
12. Ратнер Вадим Александрович – статья в разделе «Генетики Сибири» из материалов Музея истории развития генетики в Сибири <http://www.bionet.nsc.ru/museum/index.php?id=11>
13. Сайк О.В., Н.А. Коновалова, П.С. Деменков, Н.В. Иванисенко, Т.В. Иванисенко, Д.Е. Иванощук, М.Н. Пономарева, О.С. Коновалова, О.А. Подколотная, И.Н. Лаврик, 4, Н.А. Колчанов, В.А. Иванисенко Молекулярно-генетические механизмы взаимодействия

процессов ответа клетки на механический стресс и нейронального апоптоза при первичной открытоугольной глаукоме // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2016, Том 20, №6, стр.840-847

14. Ananko E.A., Podkolodny N.L., Stepanenko I.L., Ignatieva E.V., Podkolodnaya O.A., Kolchanov N.A. GeneNet: a database on structure and functional organization of gene networks // Nucleic. Acid Research, 2002, 30 (1), pp. 398-401.
15. Ananko E.A., Podkolodny N.L., Stepanenko I.L., Podkolodnaya O.A., Rasskazov D.A., Miginsky D.S., Likhoshvai V.A., Ratushny A.V., Podkolodnaya N.N., Kolchanov N.A.: GeneNet in 2005. // Nucleic Acids Research. 2005. 33. D425-427.
16. Cheung WA, Ouellette BF, Wasserman WW. Quantitative biomedical annotation using medical subject heading over-representation profiles (MeSHOPs). // BMC Bioinformatics. 2012;13:249
17. Chu JH, Hart JE, Chhabra D, Garshick E, Raby BA, Laden F. Gene expression network analyses in response to air pollution exposures in the trucking industry. // Environ Health. 2016;15(1):101
18. Ivanisenko V.A., Saik O.V., Ivanisenko N.V., Tiys E.S., Ivanisenko T.V., Demenkov P.S., Kolchanov N.A. ANDSystem: an Associative Network Discovery System for automated literature mining in the field of biology. // BMC Systems Biology 2015, 9(Suppl 2):S2
19. Manissorn J, Khamchun S, Vinaiphath A, Thongboonkerd V. Alpha-tubulin enhanced renal tubular cell proliferation and tissue repair but reduced cell death and cell-crystal adhesion. // Sci Rep. 2016;6:28808
20. Şenbabaoğlu Y, Sümer SO, Sánchez-Vega F, Bemis D, Ciriello G, Schultz N, Sander C. A Multi-Method Approach for Proteomic Network Inference in 11 Human Cancers. // PLoS Comput Biol. 2016;12(2):e1004765

## **6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся**

21. Видеолекции на сайте кафедры информационной биологии ФЕН НГУ.

## **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;
- 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:**

BiGG Models (<http://bigg.ucsd.edu/>)

BioCarta ([https://cgap.nci.nih.gov/Pathways/BioCarta\\_Pathways](https://cgap.nci.nih.gov/Pathways/BioCarta_Pathways))

BioCyc (<https://biocyc.org/>)

BioGRID (<https://thebiogrid.org/>)

BRENDA (<https://www.brenda-enzymes.org/>)

ConsensusPathDB (<http://cpdb.molgen.mpg.de/>)

GeneMANIA (<http://genemania.org/>)

GeneNet (<http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/genenet/>)

GTRD (<http://gtrd.biouml.org>)  
InnateDB (<http://www.innatedb.ca/>)  
The Interactome (<http://www.regulatorynetworks.org/>)  
KEGG Pathway (<http://www.genome.ad.jp/kegg>)  
miRBase database (<http://www.mirbase.org/>)  
MetaCyc (<http://metacyc.org/>)  
NDEx (<http://www.ndexbio.org/#/>)  
NetPath (<http://www.netpath.org/>)  
PANTHER Pathway (<http://pantherdb.org/>)  
Pathway Commons (<http://www.pathwaycommons.org/>)  
Reactome (<http://www.reactome.org/>)  
SIGNOR (<http://signor.uniroma2.it/>)  
SMPDB (<http://smpdb.ca/>)  
SPIKE (<http://www.cs.tau.ac.il/~spike/>)  
STRING ([string-db.org/](http://string-db.org/))  
TRANSPATH (<http://gene-regulation.com/pub/databases.html>)  
TRED (<http://rulai.cshl.edu/TRED>)  
TRRD (<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/trrd/>)  
TRRUST (<http://www.grnpedia.org/trrust>)  
WikiPathways (<https://www.wikipathways.org/index.php/WikiPathways>)  
Сайт журнала "Вавиловский журнал генетики и селекции"  
(<http://www.bionet.nsc.ru/vogis/>)

## **7.2. Информационные справочные системы**

*Не используются*

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

### 8.1 Перечень программного обеспечения

ОС Windows и Microsoft Office  
Свободно распространяемое ПО:  
Cytoscape (<https://cytoscape.org/>)

ANDSystem (<http://www-bionet.sccc.ru/andvisio/>)

### 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 IV: Генные сети используются специальные помещения:

1. Учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля, промежуточной 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 IV: Генные сети 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:**

Формой текущего контроля при прохождении дисциплины «Организация и функционирование молекулярно-генетических систем IV: генные сети» является контроль посещаемости занятий, сдача отчетов о выполнении практических заданий

#### **Промежуточная аттестация:**

Промежуточная аттестация по дисциплине состоит из 2-х этапов:

1. итоговая проверочная работа
2. экзамен.

Для того чтобы быть допущенным к экзамену, студент должен выполнить следующее:

- в ходе прохождения дисциплины посетить не менее 50 % занятий;
- сдать все отчеты о выполнении практических заданий;
- написать на положительную оценку итоговую проверочную работу.

**Описание критериев и шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Организация и функционирование молекулярно-генетических систем IV: Генные сети**

Таблица 10.1

<b>Код компетенции</b>	<b>Результат обучения по дисциплине</b>	<b>Оценочное средство</b>
ОПК-7	Знание базовых принципов организации генных сетей	Письменная итоговая работа Экзамен

ОПК-14	Владение аналитическим стилем мышления при исследовании закономерностей организации и механизмов генетического контроля функционирования живых систем, - навыками, направленными на исследование закономерностей организации и механизмов генетического контроля функционирования живых систем	Письменная итоговая работа Экзамен
ПК-8	Знание компьютерных программ, позволяющих проводить реконструкцию генных сетей и осуществлять их анализ	Отчеты о выполнении практических заданий Письменная итоговая работа Экзамен
	Умение работать с Интернет-ресурсами, содержащими полезные данные об объектах генных сетей и связях между ними	Отчеты о выполнении практических заданий Письменная итоговая работа
	Владение методологией реконструкции генных сетей и их расширенного варианта – ассоциативных генных сетей	Отчеты о выполнении практических заданий Письменная итоговая работа

Таблица 10.2

Критерии оценивания результатов обучения	Шкала оценивания
<p><b><u>Письменная итоговая работа</u></b>  – знание теоретического и фактического материала,  – точность и корректность применения терминов и понятий,  – точность ответа, отсутствие ошибок.</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b>  – владение теоретическим и фактическим материалом,  – 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.  При изложении ответа на вопрос(ы) экзаменационного билета обучающийся может допустить непринципиальные неточности.</p>	<i>Отлично</i>
<p><b><u>Письменная итоговая работа :</u></b>  – владение теоретическим и фактическим материалом,  – точность и корректность применения терминов и понятий исторической науки, при наличии незначительных ошибок,  – точность ответа, наличие несущественных ошибок.</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b>  – владение теоретическим и фактическим материалом,  – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей,  – 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,</p>	<i>Хорошо</i>

<p>– наличие полных ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок.</p>	
<p><b><u>Письменная итоговая работа :</u></b>  – слабое владение теоретическим и фактическим материалом,  – осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации,  – корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок,  – фрагментарность раскрытия темы</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b>  – слабое владение теоретическим и фактическим материалом,  – 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><b><u>Письменная итоговая работа :</u></b>  – отсутствие понимания теоретического и фактического материала,  – компилятивное, неосмысленное, нелогичное и неаргументированное изложение материала,  – грубые ошибки в применении терминов и понятий,</p> <p><b><u>Экзамен:</u></b>  – фрагментарное и недостаточное владение материалом,  – 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>
<p><b><u>Отчеты о выполнении практических заданий</u></b>  – не менее 90% ответов должны быть правильными.</p>	<p><i>зачтено</i></p>
<p><b><u>Отчеты о выполнении практических заданий</u></b>  – менее 90% правильных ответов</p>	<p><i>незачтено</i></p>

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

1. Концепция молекулярно-генетических систем управления (МГСУ), разработанная профессором В.А.Ратнером: перечислить основные понятия, связанные с концепцией МГСУ, которые были рассмотрены в первой лекции.
2. Иерархическое блочно-модульное строение МГСУ клетки: перечислить все модули (блоки), входящие в МГСУ, и построить отношения между ними.
3. Понятия в рамках МГСУ: сайзер, оперон, генные сети (понятие «генные сети» было сформулировано при описании блока управления развитием/онтогенезом).
4. Понятия в рамках МГСУ: оперон, двухоперонный триггер, эпиген
5. Роль обратных связей в рамках МГСУ. Строение и функционирование лактозного оперона у бактерий. Какой это оперон - индуцируемый или репрессируемый?
6. Роль обратных связей в рамках МГСУ. Строение и функционирование триптофанового оперона у бактерий. Какой это оперон - индуцируемый или репрессируемый?
7. Пример реального триггера - система управления репликацией у фага лямбда.
8. Два современных определения понятия «генные сети».
9. Перечислить обязательные типы структурных и функциональных компонентов генных сетей
10. Какие функциональные модули могут входить в генные сети? Охарактеризуйте один из известных Вам типов функциональных модулей.
11. Перечислить семь базовых принципов организации генных сетей
12. Привести несколько примеров молекулярных механизмов реализации регуляторных процессов, обеспечивающих функционирование генных сетей.
13. Приведите пример процесса, иллюстрирующий каскадный принцип регуляции.
14. Что такое молекулярная бюрократия? Как она проявляется на уровне генной сети, отдельного гена, отдельного белка?
15. За счет чего осуществляется авторегуляция генной сети? Приведите несколько примеров малых регуляторных контуров.
16. Перечислить четыре характерных типа динамики критических переменных генных сетей. Охарактеризовать роль обратных связей в формировании одного из типов динамики (любой тип из четырех, на выбор)
17. Сети циклических процессов. Описать простейшую сеть – авторепрессилатор. В чем состоит основная задача управления супербольшой сетью клеточного цикла? Как она решается ??
18. Перечислить четыре уровня в иерархической организации генных сетей. Что такое элементарные структурные мотивы? Приведите примеры.
19. В чем выражается базовый принцип организации генных сетей – компарментализация. Перечислить компартменты четырех иерархических уровней.
20. Роль транскрипционных факторов (ТФ) в генных сетях: функционирование ТФ в составе внутриклеточных сенсоров состояния клетки. Каким образом ТФ могут определять сложность генных сетей?
21. Что такое транскрипционные регуляторные сети (TRN)? Какие экспериментально-теоретические подходы к реконструкции транскрипционных регуляторных сетей Вам известны?

22. Сети взаимодействий между генами / белками и их виды в зависимости от типов связей. Дать определение сетям взаимодействий между генами / белками в терминах теории графов.
23. Какие интернет-доступные информационные компьютерные системы, позволяющие экстрагировать данные по связям различных типов между генами/белками, Вам известны? Охарактеризовать возможности одной из них (на выбор)
24. Краткая характеристика системы Cytoscape, что можно делать с помощью этой системы?
25. Перечислить известные Вам базы данных по генным сетям, метаболическим и сигнальным путям и схемам регуляции биологических процессов различного уровня сложности. Охарактеризовать одну из баз (любую, на выбор).
26. Какие интернет-доступные источники информации по участникам ассоциативных генных сетей (генам, белкам, метаболитам, микроРНК, заболеваниям и др.) Вам известны? Охарактеризовать возможности одного из них (на выбор).
27. Назовите преимущества интеграция биологических данных.
28. Краткая характеристика системы ANDSystem, что можно делать с помощью этой системы?
29. Определите понятие «ассоциативные генные сети». Перечислите типы базовых объектов, которыми оперируют ассоциативные генные сети.
30. Что такое MeSH? Краткая характеристика систем, позволяющих оценить встречаемость биологических терминов в научных текстах.
31. Дайте определение кластера генной сети. Назовите инструменты, с помощью которых можно выявлять кластеры в генных сетях.
32. Дайте определение хамам. Перечислите известные Вам показатели центральности вершин, дайте их определение.
33. Краткая характеристика ресурса Gene Ontology («Генная онтология»). Расскажите, что такое сверхпредставленные Gene Ontology биологические процессы. Какие ресурсы позволяют их выявлять?
34. Расскажите, что такое приоритизация генов-кандидатов. Назовите интернет-доступные программы/ресурсы, которые позволяют проводить приоритизацию генов.

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.



