

Министерство науки и высшего образования РФ  
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение  
высшего образования  
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)**

Б1.О.13.07 МАТЕМАТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ И  
КОМПЬЮТЕРНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В БИОЛОГИИ  
Биоинформатика

наименование дисциплины (модуля) в соответствии с учебным планом

Направление подготовки / специальность

06.03.01 Биология

Направленность (профиль)

06.03.01 Биология

Форма обучения

очная

Год набора

2022

Красноярск 2023

## РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили \_\_\_\_\_

Ст.преподаватель, Путинцева Ю.А.

\_\_\_\_\_  
должность, инициалы, фамилия

## 1 Цели и задачи изучения дисциплины

### 1.1 Цель преподавания дисциплины

Ознакомление с основными методами современной биоинформатики и их практическим применением для решения задач молекулярной биологии, генетики, геномики и генетических технологий.

### 1.2 Задачи изучения дисциплины

Задачи изучения дисциплины заключаются:

- в формировании у студентов представления о структуре и типах данных в биологических базах данных и формировании соответствующих практических навыков поиска и извлечения необходимой информации;
- в формировании навыков обработки данных секвенирования;
- в ознакомлении с практическими приложениями биоинформатических методов для решения задач молекулярной биологии, генетики, геномики и генетических технологий.

### 1.3 Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Запланированные результаты обучения по дисциплине
<b>ОПК-3: Способен применять знание основ эволюционной теории, использовать современные представления о структурно-функциональной организации генетической программы живых объектов и методы молекулярной биологии, генетики и биологии развития для исследования механизмов онтогенеза и филогенеза в профессиональной деятельности;</b>	
ОПК-3.6: Демонстрирует знания о структуре и функции белков и нуклеиновых кислот, принципах и механизмах хранения, передачи, изменчивости, реализации и воспроизведения генетической информации; строении геномов разных организмов, структурно-функциональной организации генов и геномов	Знать: алгоритмы выравнивания последовательностей и методы построения филогенетических деревьев Уметь: осуществлять попарное и множественное выравнивание последовательностей, строить филогенетические деревья разными методами Владеть: навыками построения и анализа филогенетических деревьев
<b>ОПК-7: Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;</b>	

ОПК-7.5: Применяет базовые знания современных языков программирования с целью анализа и представления результатов профессиональной	Знать: базовый синтаксис скриптового языка для работы в командной строке Linux Уметь: писать скрипты для запуска биоинформатических программ Владеть: навыками работы в командной строке Linux
деятельности в области биологических наук и в работе с биологическими базами данных	
<b>ПК-1: Способен осуществлять сбор, обработку и анализ научно-технической информации для решения задач профессиональной деятельности в области биологических наук с использованием современных информационных технологий</b>	
ПК-1.1: Использует биологические профессиональные базы данных и справочные системы, применяет принципы анализа научной информации при решении задач профессиональной деятельности в области биологических наук	Знать: основные биологические профессиональные базы данных Уметь: осуществлять поиск биологических последовательностей и информации о них в профессиональных базах данных Владеть: навыками поиска биологических последовательностей и анализа результатов поиска
ПК-1.4: Использует базовые знания фундаментальных разделов математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа биологических данных, в том числе в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий	Знать: основные этапы обработки данных секвенирования нуклеотидных последовательностей Уметь: осуществлять сборку простых геномов (прокариотических) de novo и анализировать полученные Владеть: навыками обработки результатов секвенирования геномов прокариот

#### 1.4 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины: Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется с применением ЭО и ДОТ

URL-адрес и название электронного обучающего курса: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=32343> .

## 2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	е
		1
<b>Контактная работа с преподавателем:</b>	<b>0,89 (32)</b>	
занятия лекционного типа	0,44 (16)	
практические занятия	0,44 (16)	
<b>Самостоятельная работа обучающихся:</b>	<b>1,11 (40)</b>	
курсовое проектирование (КП)	Нет	
курсовая работа (КР)	Нет	

### 3 Содержание дисциплины (модуля)

#### 3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

		Контактная работа, ак. час.							
№ п/п	Модули, темы (разделы) дисциплины	Занятия лекционного типа		Занятия семинарского типа				Самостоятельная работа, ак. час.	
				Семинары и/или Практические занятия		Лабораторные работы и/или Практикумы			
		Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС
<b>1. Раздел 1.</b>									
	<p>1. Тема 1.1. Введение в биоинформатику. Цели и задачи биоинформатики. Биологические базы данных, поиск последовательностей. Подходы к сравнению последовательностей. Алгоритмы выравнивания, глобальное и локальное выравнивание. BLAST.</p> <p>Тема 1.2. Методы построения филогенетических деревьев. Метод попарного внутригруппового невзвешенного среднего (UPGMA), метод присоединения соседей (NJ), максимальной парсимонии (MP), метод максимального правдоподобия (ML), байесовский подход (Bayesian inference)</p>	4							

<p>2. Тема 1.1. Выравнивание последовательностей. Матрицы замен. Алгоритмы выравнивания последовательностей. BLAST. Анализ результатов выравнивания.</p> <p>Тема 1.2. Построение филогенетических деревьев. Построение филогенетических деревьев различными методами, их редактирование и интерпретация</p>			4					
<p>3. Тема 1.1. Введение в биоинформатику. Цели и задачи биоинформатики. Биологические базы данных, поиск последовательностей. Подходы к сравнению последовательностей. Матрицы замен. Алгоритмы выравнивания, глобальное и локальное выравнивание. BLAST. Анализ результатов выравнивания, оценка значимости выравнивания.</p> <p>Тема 1.2. Методы построения филогенетических деревьев. Метод попарного внутригруппового невзвешенного среднего (UPGMA), метод присоединения соседей (NJ), максимальной парсимонии (MP), метод максимального правдоподобия (ML), байесовский подход (Bayesian inference). Визуализация, редактирование, сравнение топологий и интерпретация результатов.</p>						10		
<b>2. Раздел 2.</b>								

<p>1. Тема 2.1. Обработка данных секвенирования. Формат FASTQ. Ошибки секвенирования. Анализ качества «сырых» данных секвенирования, фильтрация прочтений по качеству, удаление адаптеров. Депозитарий SRA NCBI.</p> <p>Тема 2.2. Сборка и анализ геномов. Алгоритмы сборки геномов. Оценка качества сборки. Подходы к аннотации геномов.</p>	4							
<p>2. Тема 2.1. Обработка данных секвенирования. Знакомство с командной строкой Linux, базовые операции, принципы написания скриптов. Анализ качества «сырых» данных секвенирования, фильтрация прочтений по качеству, удаление адаптеров. Сборка геномов различными ассемблерами.</p> <p>Тема 2.2. Сборка и анализ геномов. Оценка качества полногеномной сборки, сравнение с референсом. Аннотация хлоропластного и митохондриального генома.</p>			4					



<p>3. Тема 2.1. Обработка данных секвенирования. Знакомство с командной строкой Linux, базовые операции, принципы написания скриптов. Формат FASTQ. Ошибки секвенирования. Анализ качества «сырых» данных секвенирования, фильтрация прочтений по качеству, удаление адаптеров. Депозитарий SRA NCBI. Сборка геномов различными ассемблерами.</p> <p>Тема 2.2. Сборка и анализ геномов. Алгоритмы сборки геномов. Оценка качества сборки, сравнение с референсом. Подходы к аннотации геномов. Аннотация хлоропластного и митохондриального генома.</p>							10	
<b>3. Раздел 3.</b>								
<p>1. Тема 3.1. Секвенирование РНК и обработка результатов. Особенности секвенирования РНК (кДНК). Выравнивание коротких прочтений. SAM/BAM формат. Поиск вариантов, формат VCF.</p> <p>Тема 3.2. Анализ дифференциальной экспрессии генов. RPKM, FPKM, нормализация данных, множественные сравнения, статистический анализ и визуализация результатов анализа дифференциальной экспрессии. Функциональная аннотация генов.</p>	4							

<p>2. Тема 3.1. Секвенирование РНК и обработка результатов. Анализ качества «сырых» данных секвенирования кДНК, фильтрация прочтений по качеству, удаление адаптеров. Выравнивание коротких прочтений.</p> <p>Тема 3.2. Анализ дифференциальной экспрессии генов. Статистический анализ и визуализация результатов анализа дифференциальной экспрессии. Функциональная аннотация генов.</p>			4					
<p>3. Тема 3.1. Секвенирование РНК и обработка результатов. Особенности секвенирования РНК (кДНК). Анализ качества «сырых» данных секвенирования кДНК, фильтрация прочтений по качеству, удаление адаптеров. Выравнивание коротких прочтений. SAM/BAM формат. Поиск вариантов, формат VCF.</p> <p>Тема 3.2. Анализ дифференциальной экспрессии генов. RPKM, FPKM, нормализация данных, множественные сравнения, статистический анализ и визуализация результатов анализа дифференциальной экспрессии. Функциональная аннотация генов.</p>						10		
<b>4. Раздел 4.</b>								
<p>1. Тема 4.1. Приложения в геномике. Медицинская геномика. Метагеномика. Палеогеномика. Геномика одной клетки.</p> <p>Тема 4.2. Приложения для молекулярной биологии. Поиск маркерных последовательностей и дизайн праймеров.</p>	4							

<p>2. Тема 4.1. Приложения в геномике. Подходы к анализу метагеномов. Особенности сборки генома одной клетки.</p> <p>Тема 4.2. Приложения для молекулярной биологии. Поиск маркерных последовательностей и дизайн праймеров.</p>			4					
<p>3. Тема 4.1. Приложения в геномике. Медицинская геномика. Метагеномика. Палеогеномика. Геномика одной клетки.</p> <p>Тема 4.2. Приложения для молекулярной биологии. Поиск маркерных последовательностей и дизайн праймеров.</p>							10	
Всего	16		16				40	

## **4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины**

### **4.1 Печатные и электронные издания:**

1. Кучунова Е. В., Олейников Б. В., Чередниченко О. М. Программирование. Процедурное программирование: учебное пособие [для студентов бакалавриата по напр. 02.03.01. «Математика. Компьютерные науки»](Красноярск: СФУ).
2. Игнасимуту С. Основы биоинформатики: перевод с английского (МоскваМосква: [R&C Dynamics] Регулярная и хаотическая динамика [РХД]).
3. Попов В. В. Геномика с молекулярно-генетическими основами(Москва: URSS).
4. Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К. Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).

### **4.2 Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства (программное обеспечение, на которое университет имеет лицензию, а также свободно распространяемое программное обеспечение):**

1. Лицензируемое ПО - Microsoft Office. Открытое ПО: WinSCP, Putty, FASTQC, Trimmomatic, Spades, Bowtie2, R.
- 2.

### **4.3 Интернет-ресурсы, включая профессиональные базы данных и информационные справочные системы:**

1. В рамках изучения дисциплины обучающимся обеспечен доступ к современным профессиональным базам данных, информационным справочным и поисковым системам:
2. – свободный доступ в сеть Интернет.

## **5 Фонд оценочных средств**

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

## **6 Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)**

Необходимое для реализации дисциплины «Биоинформатика» материально-техническое обеспечение включает в себя: учебные аудитории, оборудованные компьютерами с доступом в Интернет, доской и видеопроектором.