

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

ФТД.01 Математические методы в биоинформатике

наименование дисциплины (модуля) в соответствии с учебным планом

Направление подготовки / специальность

06.04.01 Биология

Направленность (профиль)

06.04.01.06 Геномика и биоинформатика

Форма обучения

очная

Год набора

2022

Красноярск 2023

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили _____

д.ф-м.н., Профессор, Садовский Михаил Георгиевич

должность, инициалы, фамилия

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Цель преподавания дисциплины – формирование у студентов умений и навыков использования математических методов для обработки информации, полученной в результате биологических исследований.

1.2 Задачи изучения дисциплины

Основными задачами изучения дисциплины является формирование знаний, умений и навыков, позволяющих реализовывать различные методы обработки и анализа биологических данных и разрабатывать на их основе модификации и новые алгоритмы работы с такими данными.

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
ПК-3: Способен выполнять работы, связанные с исследованием и анализом генома и протеома живых организмов в т. ч. в областях здравоохранения, лесного хозяйства и охраны природы.	
ПК-3.1: Умеет: - в полном объеме планировать и реализовывать проведение лабораторных молекулярно-генетических исследований живых организмов; - планировать и реализовывать проведение работ с биоинформационными ресурсами.	
ПК-3.2: Владеет: - современными методами обработки и интерпретации генетической информации при проведении научных исследований; - методами обработки данных геномного секвенирования, полученных с разных платформ; способностью извлекать необходимые данные из банков генетических данных; - знаниями для обработки полученных результатов, анализа и осмысливания их с учетом имеющихся литературных данных.	

1.4 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины: Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется без применения ЭО и ДОТ.

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	е
		1
Контактная работа с преподавателем:	0,83 (30)	
занятия лекционного типа	0,28 (10)	
практические занятия	0,56 (20)	
Самостоятельная работа обучающихся:	1,17 (42)	
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
1.									
	1. Предел последовательности, числовые и сходящиеся последовательности.	1							
	2. Определение функций, способы задания и классификация функций. Предел функций. Замечательные пределы.	1							
	3. Дифференцирование. Понятие производной, дифференциала. Правила дифференцирования..	2							
	4. Интегрирование. Определенный и неопределенный интеграл. Формула Ньютона-Лейбница.	2							
	5. Матрицы. Определитель матрицы, свойства матриц.	2							
	6. Обыкновенные дифференциальные уравнения. Дифференциальные уравнения первого порядка и методы их решения.	2							
2.									

1. Предел последовательности, числовые и сходящиеся последовательности.			2					
2. Определение функций, способы задания и классификация функций. Предел функций. Замечательные пределы.			4					
3. Дифференцирование. Понятие производной, дифференциала. Правила дифференцирования..			2					
4. Интегрирование. Определенный и неопределенный интеграл. Формула Ньютона-Лейбница.			4					
5. Матрицы. Определитель матрицы, свойства матриц.			4					
6. Обыкновенные дифференциальные уравнения. Дифференциальные уравнения первого порядка и методы их решения.			4					
3.								
1. Предел последовательности, числовые и сходящиеся последовательности.							6	
2. Определение функций, способы задания и классификация функций. Предел функций. Замечательные пределы.							8	
3. Дифференцирование. Понятие производной, дифференциала. Правила дифференцирования.							6	
4. Интегрирование. Определенный и неопределенный интеграл. Формула Ньютона-Лейбница.							8	
5. Матрицы. Определитель матрицы, свойства матриц.							8	
6. Обыкновенные дифференциальные уравнения. Дифференциальные уравнения первого порядка и методы их решения.							6	
Всего	10		20				42	

4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

4.1 Печатные и электронные издания:

1. Кельберт М. Я., Сухов Ю. М. Вероятность и статистика в примерах и задачах: Т. 2. Марковские цепи как отправная точка теории случайных процессов и их приложения(Москва: Изд-во МЦНМО).
2. Кельберт М. Я., Сухов Ю. М. Вероятность и статистика в примерах и задачах: Т. 1. Основные понятия теории вероятностей и математической статистики(Москва: Изд-во МЦНМО).
3. Елисеева И. И. Статистика: Учебник(М.: Издательство Юрайт).
4. Монсик В.Б., Скрынников А.А. Вероятность и статистика: Рекомендовано учебно-методическим объединением вузов Российской Федерации по образованию в области авиационной и космической техники для межвузовского использования в качестве учебного пособия для втузов(Москва: БИНОМ).
5. Син Т. Занимательная статистика. Регрессионный анализ. Манга (Москва: ДМК Пресс).
6. Бирюкова Л. Г., Бобрик Г. И., Матвеев В. И., Сагитов Р. В., Швед Е. В. Теория вероятностей и математическая статистика: Учебное пособие (Москва: ООО "Научно-издательский центр ИНФРА-М").
7. Бережной В. И., Бигдай О. Б., Бережная О. В., Киселева О. А. Статистика в примерах и задачах: Учебное пособие(Москва: ООО "Научно-издательский центр ИНФРА-М").
8. Сапожников П. Н., Макаров А. А., Радионова М. В. Теория вероятностей, математическая статистика в примерах, задачах и тестах: Учебное пособие.(Москва: ООО "КУРС").
9. Монсик В.Б., Скрынников А.А. Вероятность и статистика: Рекомендовано учебно-методическим объединением вузов Российской Федерации по образованию в области авиационной и космической техники для межвузовского использования в качестве учебного пособия для втузов(Москва: БИНОМ).
10. Игнасимуту С. Основы биоинформатики: перевод с английского (МоскваМосква: [R&C Dynamics] Регулярная и хаотическая динамика [РХД]).
11. Глик Б., Пастернак Д., Янковский Н. К. Молекулярная биотехнология: принципы и применение: перевод с английского(Москва: Мир).
12. Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К. Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).
13. Палий И. А. Прикладная статистика: учеб. пособие для вузов(Москва: Дашков и К°).
14. Орлов А. И. Вероятность и прикладная статистика: основные факты: справочник(Москва: КноРус).
15. Хаубольд Б., Вие Т., Чудов С. В., Артамонова И. И. Введение в вычислительную биологию. Эволюционный подход(Москва: Регулярная и хаотическая динамика).

16. Большаков А.А., Каримов Р.Н. Методы обработки многомерных данных и временных рядов: учебное пособие для вузов.; рекомендовано УМО вузов по образованию(М.: Горячая линия - Телеком).

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. Работа осуществляется с использованием лицензионного программного продукта, закупленного по программе развития СФУ программ: Statistica, свободно распространяемого программного обеспечения: Vida Expert, языков программирования Python и R, а также электронных баз данных и сети Internet.

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

1. Одной из крупнейших информационных систем в области биологии медицины, биофизики является Национальный центр биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information (NCBI), США (www.NCBI.nlm.nih.gov). БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом.
2. БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом.
3. Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.
4. БД Nucleotide (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide>) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.
5. БД Protein (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из GenBank, RefSeq и ТРА, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
6. БД Structure (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml>) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.

7. БД Gene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. Gene-ID.
8. БД dbMHC (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init>) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные MajorHistocompatibilityComplex (МНС) для человека. БД dbMHC полностью интегрирована с другими ресурсами NCBI, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (IHWG).
9. DbSNP (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/>) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным путем.
10. БД ReferenceSequence (RefSeq) (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/>), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.
11. БД Genomic Biology представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для Fruitfly, Human, Malariaparasite, Mouse, Rat, Retroviruses, Zebrafish и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.
12. В БД UniGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/>) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.
13. HomoloGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene>) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.
14. Basic Local Alignment Search Tool (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/>) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.
15. Public repository Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»

16. GenBank (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html>) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. GenBank автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.
17. Для представления последовательностей в GenBank предложено два инструмента:
18. ● BankIt – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
19. ● Sequin – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.
20. Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в NCBI является поисковая система Search NCBI databases (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Она обеспечивает одновременный доступ как к нуклеотидным и белковым последовательностям (GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посредством использования стартовой страницы NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.
21. Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html>) и т. д., является сервис «My NCBI» (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/MyNCBI/>). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты по электронной почте. Пользователи «My NCBI» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в NCBI, и управлять политикой общественного доступа.

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)

- учебные аудитории, оборудованные аппаратно-программными комплексами «Малый презентационный комплекс», «Доска обратной проекции», «Средний презентационный комплекс»;
- компьютерный класс, укомплектованные современными компьютерами, классы на 15 рабочих мест с выходом в Интернет.