

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования

"Красноярский государственный медицинский университет
имени профессора В.Ф. Войно-Ясенецкого"

Министерства здравоохранения Российской Федерации

Медико-психолого-фармацевтический факультет

Кафедра медицинской и биологической физики

АННОТАЦИЯ К РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЕ ДИСЦИПЛИНЫ

"Биоинформатика"

уровень специалитета

очная форма обучения

срок освоения ОПОП ВО - 6 лет

2023 год

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
"Красноярский государственный медицинский университет
имени профессора В.Ф. Войно-Ясенецкого"
Министерства здравоохранения Российской Федерации



УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной,
воспитательной работе
и молодежной политике
д.м.н., доцент
И.А. Соловьева

27 июня 2023

АННОТАЦИЯ К РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЕ

Дисциплины «Биоинформатика»

Для ОПОП ВО по специальности 30.05.02 Медицинская биофизика. Направленность
(профиль): Медицинская биофизика

Уровень специалитета

Очная форма обучения

Срок освоения ОПОП ВО - 6 лет

Медико-психолого-фармацевтический факультет

Кафедра медицинской и биологической физики

Курс - IV

Семестр - VII

Лекции - 26 час.

Практические занятия - 76 час.

Самостоятельная работа - 42 час.

Экзамен - VII семестр (36 ч.)

Всего часов - 180

Трудоемкость дисциплины - 5 ЗЕ

2023 год


При разработке рабочей программы дисциплины в основу положены:

1) ФГОС ВО по специальности 30.05.02 Медицинская биофизика, утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 13 августа 2020 № 1002.


2) Учебный план по специальности 30.05.02 Медицинская биофизика, утвержденный Ученым Советом ФГБОУ ВО КрасГМУ им. проф. В.Ф. Войно-Ясенецкого Минздрава России (протокол № 5 от 17 мая 2023 г.).

3) Стандарт организации «Учебно-методический комплекс дисциплины (модуля). Часть I. Рабочая программа дисциплины (модуля). СТО СМК 8.3.05-21. Выпуск 3.»


Рабочая программа дисциплины одобрена на заседании кафедры (протокол № 10 от 16 июня 2023 г.)

Заведующий кафедрой медицинской и биологической физики  к.б.н. Рожко Т.В.

Согласовано:

Декан  к.б.н. Шадрин К.В.

26 июня 2023 г.

Председатель методической комиссии по специальности 30.05.02 Медицинская биофизика  к.ф.-м.н., доцент Романова Н.Ю.

Программа заслушана и утверждена на заседании ЦКМС (протокол № 12 от 27 июня 2023 г.)

Председатель ЦКМС  д.м.н., доцент Соловьева И.А.

Авторы:

- д.ф.-м.н., доцент Салмин В.В.
- к.б.н. Рожко Т.В.
- к.ф.-м.н., доцент Шаповалов К.А.

1. Вводная часть

1.1. Планируемые результаты освоения образовательной программы по дисциплине

Цель освоения дисциплины "Биоинформатика" состоит в изложении студентам основных понятий и современных концепций биоинформатики, применения методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач.

1.2. Место дисциплины в структуре ОПОП ВО

1.2.1. Дисциплина «Биоинформатика» относится к блоку Б1 - «Дисциплины (модули)».

Математическая статистика

Знания: основных понятий теории вероятностей и математической статистики.

Умения: решать задачи по теории вероятностей, проводить статистическую обработку экспериментальных данных.

Навыки: расчета вероятности случайных событий, применения статистических методов обработки медико-биологических и клинических данных.

Биология

Знания: уровней организации и свойств живых систем; основных таксонов живых организмов; закономерностей наследования и изменчивости; эволюционного учения, основ молекулярно-генетического и клеточного уровней.

Умения: сравнивать уровни организации и функционирования систем животных разного уровня организации, в том числе и человека, обосновывать эволюционные изменения в деятельности различных систем органов в филогенезе, определять способы взаимодействия генов, механизмы сцепленного наследования.

Навыки: идентификации структур прокариот и эукариот по молекулярно-морфологическим и цитологическим признакам; оценки типа метаболизма клеток, анализа фенотипических и генетических проявлений наследственных заболеваний, их генетических основ на генном, хромосомном и геномном уровнях.

2.2. Разделы дисциплины (модуля), компетенции и индикаторы их достижения, формируемые при изучении

| № раздела | Наименование раздела дисциплины | Темы разделов дисциплины | Код формируемой компетенции | Коды индикаторов достижения компетенций |
|-----------|---|---|-----------------------------------|---|
| 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| 1. | Основные биоинформатические ресурсы и базы данных | | | |
| | | Сравнение белковых и нуклеотидных последовательностей с помощью программ серии BLAST. | ОПК-1, ОПК-6, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-6.2, ОПК-5.1 |
| | | Биоинформатика в медицинских исследованиях. 1. Анализ человеческого генома и заболевания человека. 2. Анализ геномных вариаций и SNP в клинических исследованиях. | ОПК-6, ОПК-4, ОПК-5, ПК-8 | ОПК-6.2, ОПК-4.2, ОПК-5.1, ПК-8.3 |
| | | Биотехнические системы и биоинформационные ресурсы. | ОПК-6, ОПК-4, ОПК-4, ПК-8 | ОПК-6.2, ОПК-4.1, ОПК-4.2, ПК-8.3 |
| | | 1. Введение в биоинформатику. 1. Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. 2. Биоинформатические программы и сервисы. | ОПК-1, ОПК-6, ОПК-4, ОПК-4, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-6.2, ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1 |
| | | Основные базы данных. | ОПК-1, ОПК-6, ОПК-4, ОПК-4, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-6.2, ОПК-4.1, ОПК-4.2, ОПК-5.1 |
| 2. | Математический аппарат биоинформатики. | | | |
| | | Анализ и парное выравнивание нуклеиновых последовательностей. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Множественное выравнивание. Профили. Домены. 1. Алгоритмы множественного выравнивания последовательностей. 2. Программы для проведения множественного выравнивания. 3. БД NCBI HomoloGene. 4. Решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, MUSCLE, Toffee. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Множественное выравнивание последовательностей. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Марковские цепи и скрытые модели Маркова. 1. Марковские цепи. 2. Скрытые модели Маркова. 3. Алгоритмы, применяемые при работе со скрытыми моделями Маркова. | ОПК-1 | ОПК-1.2 |

| | | | | |
|--|--|---|---------------------|---------------------------|
| | | Байесова статистика. Симуляция Монте-Карло и алгоритмы имитации отжига. 1. Классическая и Байесова вероятность. Байесов вывод. 2. Формула Байеса для непрерывных распределений. 3. Симуляция Монте-Карло. 4. Методы Монте-Карло, использующие марковские цепи. 5. Алгоритм имитации отжига. | ОПК-1 | ОПК-1.2 |
| | | Поиск и анализ гомологичных последовательностей. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Марковские цепи и скрытые модели Маркова | ОПК-1 | ОПК-1.2 |
| | | Филогенетический анализ и молекулярная эволюция. Определение филогенетического расстояния. 1. Филогения и эволюционные деревья. 2. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. 3. Современные принципы биологической таксономии. 4. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дубликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). 5. Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. 6. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Нахождение филогенетического расстояния методами Джукса-Кантора и Кимуры. | ОПК-1 | ОПК-1.2 |
| | | Филогенетический анализ и молекулярная эволюция. Построение филогенетических деревьев. 1. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. 2. Топология деревьев. 3. MEGA - программа для филогенетического анализа последовательностей. 4. Метагеномика. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Построение филогенетического дерева методом невзвешенного попарного среднего (UPGMA-метод). | ОПК-1 | ОПК-1.2 |
| | | Построение филогенетического дерева методом ближайшего соседа (NJ-метод). | ОПК-1 | ОПК-1.2 |
| | | Искусственные нейронные сети. | ОПК-1 | ОПК-1.2 |
| | | Анализ экспрессии генов (микрочипы). | ОПК-1, ОПК-6, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-6.2, ОПК-5.1 |
| | | Текстовые методы в биоинформатике. | ОПК-1 | ОПК-1.2 |

| | | | | |
|----|----------------------------|--|------------------------|---------------------------------|
| | | Итоговое занятие. | ОПК-1, ОПК-6 | ОПК-1.2, ОПК-6.2 |
| | | Алгоритмы выравнивания последовательностей. 1. Простые статистические модели в биоинформатике. 2. Алгоритм глобального выравнивания последовательностей. 3. Алгоритм локального выравнивания последовательностей. 4. Fasta, Blast (интерфейс, алгоритм). 5. Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений (PSI-BLAST). | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| 3. | Структурная биоинформатика | | | |
| | | Биоинформатика для протеомных исследований. 1. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). 2. Методы получения трехмерной структуры белка. 3. PDB. Структура PDB файла. 4. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). 5. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). | ОПК-1, ОПК-6, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-6.2, ОПК-5.1 |
| | | Построение и анализ биологических сетей. 1. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. 2. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller. 3. Методы анализа белок-белковых взаимодействий. Базы данных по белок-белковым взаимодействиям. 4. Базы данных регуляторных и метаболических путей. 5. Методы статического и динамического анализа биологических сетей. 6. Программа визуализации и анализа биологических сетей - Cytoscape. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Анализ биологических путей. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Изучение структуры и функции белков. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Молекулярный докинг. | ОПК-1, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-5.1 |
| | | Предсказание структуры и функции белков. | ОПК-1, ОПК-4, ОПК-5 | ОПК-1.2, ОПК-4.2, ОПК-5.1 |