

**Аннотация к рабочей программе дисциплины
«Биоинформатика и современные методы статистического анализа»
основной образовательной программы
подготовки кадров высшей квалификации в магистратуре
по направлению подготовки 06.04.01 Биология
профиль подготовки
Молекулярные и клеточные технологии
форма обучения: очно-заочная**

1. Целью освоения дисциплины является изучение основ биоинформатики и современных методов статистического анализа; формирование у студентов системных знаний о принципах, методах и технологиях сбора, хранения, обработки, анализа и передачи биологической информации, а также способности разрабатывать, апробировать и оценивать эффективность компьютерных технологий в области молекулярных и клеточных технологий.

Задачи дисциплины:

1. формирование системы универсальных и общепрофессиональных компетенций, необходимых для успешного решения задач в области биоинформатики и современных методов статистического анализа;
2. формирование качеств биолога-исследователя, способного творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации, использовать современные вычислительные комплексы для решения профессиональных задач в области молекулярных и клеточных технологиях.

2. Место дисциплины в структуре ООП ВО организации.

Дисциплина «Биоинформатика и современные методы статистического анализа» относится к обязательной части Блока 1 ООП (индекс Б1.О.04). Дисциплина изучается на втором курсе в 3 семестре.

3. Результаты освоения дисциплины и индикаторы достижения компетенций.

Изучение дисциплины направлено на формирование у обучающихся следующих универсальных (УК) и общепрофессиональных (ОПК) компетенций:

№ п/п	Код компетенции	Содержание компетенции (или ее части)	Код и наименование индикатора достижения компетенции	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
				Знать	Уметь	Владеть
1.	УК-1:	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стра-	ИД-1УК-1.1. Оценивает адекватность и достоверность информации о проблемной ситуации ИД-2УК-1.2. Выбирает методы критического анализа на основе системного	методы системного и критического анализа; методика разработки стратегии действий для выявления и решения проблемной	применять методы системного подхода и критического анализа проблемных ситуаций; разрабатывать стратегию действий, принимать	методологией системного и критического анализа проблемных ситуаций; методиками постановки цели, определения ее

		тегию действий	подхода, адекватные проблемной ситуации ИД-3УК-1.3. Разрабатывает стратегию и обосновывает план действия по решению проблемной ситуации	ситуации	конкретные решения для ее реализации	достижения , разработки стратегий действий.
2.	ОПК-6	Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок	ИД-1 _{ОПК-6.1.} Творчески применяет и модифицирует современные компьютерные технологии ИД-2 _{ОПК-6.2.} Использует в научной работе специальные базы данных	основные компьютерные технологии в научно-исследовательской и практической деятельности и биолога; критерии качества и эффективности компьютерных технологий при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач	применять на практике компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач; решать некоторые исследовательские задачи в биологии с применением IT-методов; разрабатывать, апробировать и оценивать эффективность компьютерных технологий	опытом применения на практике современных компьютерных технологий ; опытом разработки и адаптации новых компьютерных технологий ; навыками работы с IT-методами, применяемыми в научной и практической биологии

4. Разделы дисциплины и виды учебной работы

№	Наименование раздела	код компетенции	Содержание раздела в дидактических единицах
1.	Введение в биоинформатику . Использование биоинформатики в биологии	УК-1, ОПК-6	Введение в биоинформатику. Биоинформатика как наука. Кибернетика, ее история и связь с биоинформатикой. Развитие биоинформатики в наше время. Предмет изучения биоинформатики. Связь с другими

	и медицине.		биологическими науками. Использование биоинформатики в биологии и медицине.
2.	Омные науки – основные понятия и методы.	ОПК-6	<p>Омные науки - основные понятия и методы: <u>Геномика</u>, основное представление, современные методы геномики: ПЦР, генотипирование, SNP, SAGE, NGS <u>Протеомика</u>, основное представление, современные методы протеомики: 2D-PAGE электрофорез, вестерн-блоттинг, масс-спектрометрия <u>Метаболомика</u> как наука. Ее особенности и значение. MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кросс-платформенных метаболомных исследований и база знаний о свойствах отдельных метаболитов. <u>Транскриптомика</u> как наука, ее значение для современной медицины. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий. Cytoscape - NetworkDataIntegration, Analysis, andVisualization in a Box – биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом, предназначенная для визуализации сетей молекулярных взаимодействий и биологических путей с возможностью использования дополнительных данных, таких как функциональная аннотация, информация об уровне экспрессии генов и прочих.</p>
3.	Белковые модификации и методы их изучения: молекулярные методы исследования.	ОПК-6	<p>Белковые модификации и методы их изучения: Молекулярные методы исследования: 1) Вестерн-блоттинг 2) Электорофорез 3) Методы иммунохимии 4) Масс-спектрометрия PRIDE - PRoteomicsIDEntifications - то централизованное, совместимое со стандартами хранилище общедоступных данных для данных протеомики, включая идентификацию белков и пептидов, посттрансляционные модификации и поддержку спектральных данных. Mascot (MatrixScience) - ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков с использованием данных масс-спектрометрии.</p>
4.	Современные методы возможности предсказания и расчета структуры белка. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий.	ОПК-6	<p>Возможности предсказания и расчета структуры белка. Современные методы. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.</p>

5.	Свободно доступные системы баз данных с открытым исходным кодом. Курируемая биологическая база данных.	ОПК-6	InterAct - IntActMolecularInteractionDatabase - представляет свободно доступную систему баз данных с открытым исходным кодом и инструменты анализа данных молекулярного взаимодействия. Все взаимодействия основаны на литературном кураторстве или прямых представлениях пользователей и свободно доступны. Reactome - база данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая. BioGrid - TheBiologicalGeneralRepositoryforInteractionDatasets- курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий, генетических взаимодействий, химических взаимодействий и пост-трансляционных модификаций.
6.	Фракталы и фрактальный анализ в медико-биологических исследованиях.	УК-1, ОПК-6	Фракталы. Основы фрактальной геометрии. Фракталы в биологии и медицине. Фрактальная динамика. Теория сетей (Network Science).
7.	Теория перколяции в медико-биологических исследованиях.	УК-1, ОПК-6	Перколяционные фазовые переходы. Динамическая перколяция. Фрактальные свойства перколяционного кластера. Перколяционные эффекты в нейрональных сетях.
8.	Современные программные средства, используемые при решении задач математического моделирования и анализа медико-биологической информации.	УК-1, ОПК-6	Математическое моделирование – основные понятия. Типы математических моделей, используемые в медицине и биологии. Программирование на языке «Python», практическое применение в научной деятельности. Система математического моделирования и язык программирования MatLab. Моделирование с помощью аппарата нейронных сетей в среде MatLab для оценки взаимосвязи целенаправленных систем. Основные операторы, принципы программирования. Прикладные пакеты. Язык программирования «Python»: структура данных, базовые алгоритмические единицы, виды циклов, стандартные библиотеки. Применение «Python» в медико-биологических исследованиях.
9.	Моделирование в протеомике.	УК-1, ОПК-6	Моделирование в протеомике. BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес.

5. Объем дисциплины и виды учебной работы

Вид учебной работы	Трудоемкость		Трудоемкость по годам (АЧ)	
	объем в зачетных единицах	объем в академических часах (АЧ)	1	2

	(ЗЕ)			
Аудиторная работа, в том числе:	0,8	30		30
- лекции				
- семинарские занятия / практические занятия	0,8	30		30
Самостоятельная работа обучающегося	2,2	78		78
Промежуточная аттестация: зачет				
ИТОГО	3	108		108

6. Краткое содержание

<i>Наименование раздела дисциплины</i>
Введение в биоинформатику. Использование биоинформатики в биологии и медицине.
Омные науки – основные понятия и методы.
Белковые модификации и методы их изучения: молекулярные методы исследования.
Современные методы возможности предсказания и расчета структуры белка. Биологическая роль меж-белковых и межмолекулярных взаимодействий.
Свободно доступные системы баз данных с открытым исходным кодом. Курируемая биологическая база данных.
Фракталы и фрактальный анализ в медико-биологических исследованиях.
Теория перколяции в медико-биологических исследованиях
Современные программные средства, используемые при решении задач математического моделирования и анализа медико-биологической информации.
Моделирование в протеомике.