

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
профессионального образования
Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова
Факультет биоинженерии и биоинформатики

УТВЕРЖДАЮ

Декан
факультета биоинженерии
и биоинформатики,
академик

_____/В.П. Скулачев /

« ____ » _____ 20__ г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Наименование дисциплины:

Практическая биоинформатика

Уровень высшего образования:
специалитет

Направление подготовки (специальность):

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

Форма обучения:

очная

Рабочая программа рассмотрена и одобрена

Ученым советом факультета

(протокол № _____, _____)

Москва 20__

Рабочая программа дисциплины разработана в соответствии с самостоятельно установленным МГУ образовательным стандартом (ОС МГУ) для реализуемых основных профессиональных образовательных программ высшего образования по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» (программы специалитета) в редакции приказа МГУ от 30 декабря 2016 г.

Год (годы) приема на обучение – 2016, 2017, 2018, 2019.

© Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова

Программа не может быть использована другими подразделениями университета и другими вузами без разрешения факультета.

Цель и задачи дисциплины

Цели дисциплины - обучение практическим навыкам работы с последовательностями белков.

Задачи дисциплины - освоение основных программ анализа последовательностей белков.

1. Место дисциплины в структуре ОПОП ВО – базовая часть, общепрофессиональный цикл, курс I – семестр 2.

2. Входные требования для освоения дисциплины, предварительные условия (если есть):
Иметь хотя бы небольшой опыт работы в командной строке ОС linux

Понимать, что такое текстовый файл. Уметь редактировать текстовые файлы. Понимать, что такое разные кодировки текста, и обращаться с ними.
Иметь представление о белках, как о молекулах, не ниже школьного уровня.

3. Планируемые результаты обучения по дисциплине:

Знать: названия и обозначения аминокислотных остатков белков; виды внутримолекулярных взаимодействий в белках; базы данных PDB, Uniprot, Swissprot, Refseq (proteins), Pfam, Pubmed; биологический смысл выравнивания биологических последовательностей; алгоритм парного выравнивания; особенности алгоритма поиска по сходству blastp; смысл карты сходства двух последовательностей

Уметь: делать HTML страницы; составлять запросы к базам молекулярно-биологических данных; извлекать информацию из записей банков данных; анализировать пространственные структуры белков; пользоваться основными программами пакета EMBOSS, составлять простые bash сценарии для обработки записей банков данных; строить парные и множественные выравнивания последовательностей

Владеть: программами blastp, Jalview; основными программами пакета EMBOSS; базовыми командами интерпретатора командной строки bash в ОС linux, bash сценариями

Иметь опыт:

4. Формат обучения – практические занятия.

5. Объем дисциплины составляет 2 з.е., в том числе 32, отведенных на контактную работу обучающихся с преподавателем, 40 академических часов на самостоятельную работу обучающихся.

6. Краткое содержание дисциплины (аннотация):

Наименование и краткое содержание разделов и тем дисциплины, Форма промежуточной аттестации по дисциплине	Всего (часы)	В том числе		
		Контактная работа (работа во взаимодействии с преподавателем) Виды контактной работы, часы		Самостоятельная работа обучающегося, часы (виды самостоятельной работы – эссе, реферат, контрольная работа и пр. – указываются при необходимости)
		Занятия лекционного типа	Практические занятия	
РАЗРАБОТКА HTML СТРАНИЦ				

Синтаксис HTML и создание персональной учебной страницы	6	1	1	2	4
ПРОСТРАНСТВЕННЫЕ СТРУКТУРЫ БЕЛКОВ					
Банк PDB. PDB файл. Программы Jmol и апплет Jsmol	6	2	0	2	4
Внутримолекулярные взаимодействия в белках	6	0	2	2	3
Вторичная структура белков	6	0	2	2	3
Коллоквиум	3		3	3	0
ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ БЕЛКОВ					
Банк данных Uniprot. Структура банка, поля записи банка.	6	1	1	2	4
Пакет EMBOSS. Основные программы showdb, infoseq, entret, seqret и др.	6	1	1	2	3
Использование bash сценариев (linux)	6	1	1	2	4
Коллоквиум	3		3	3	0
ВЫРАВНИВАНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ БЕЛКОВ					
Биологический смысл выравнивания. Программа JalView	6	1	1	2	3
Алгоритм парного выравнивания	6	1	1	2	3
Поиск сходных последовательностей в Uniprot. Программа BLASTP.	6	1	1	2	3
Программы множественного выравнивания. Банк данных Pfam	6	1	1	2	2
Коллоквиум	3		4	4	0
Промежуточная аттестация – зачет Студенты показывают не выполненные ранее или исправления ошибок в выполненных самостоятельных работах					4
Итого	72			32	40

7. Фонд оценочных средств (ФОС) для оценивания результатов обучения по дисциплине

7.1. Типовые контрольные задания или иные материалы для проведения текущего контроля успеваемости.

Аттестация проводится в форме проверки всех самостоятельных работ, задаваемых после каждого занятия. Приняты также мини-контрольные, предлагаемые перед занятием, на выполнение которых отводится не более 10 минут.

Примерные вопросы для мини-контрольных:

1. По первому блоку. А. Нарисуйте структурную формулу трипептида с данной последовательностью на бумаге. Б. 10. Напишите и выполните команду, которая выделяет ТОЛЬКО атомы белка на расстоянии 5 ангстрем от лиганда.

1. По второму блоку. А. Для заданных обозначений полей банка Uniprot укажите, какого рода информация в них содержится. Б. Напишите запрос к банку Uniprot, который позволит найти все белки семейства трипсинов из зелёных растений.

2. По третьему блоку. А. Даны две короткие последовательности и путь на карте сходства. Напишите соответствующее выравнивание последовательностей. Б. Дана карта сходства последовательностей двух белков. Обозначьте гомологичные участки белков одинаковыми буквами. Напишите последовательности обоих белков как последовательности гомологичных участков.

7.2. Типовые контрольные задания или иные материалы для проведения промежуточной аттестации.

Каждый блок завершается коллоквиумом. Вопросы коллоквиумов публично доступны на веб-ресурсе kodom.fbb.msu.ru

Шкала и критерии оценивания результатов обучения по дисциплине.

Результаты обучения	«Неудовлетворительно»	«Удовлетворительно»	«Хорошо»	«Отлично»
Знания: названий и обозначений аминокислотных остатков белков; видов внутримолекулярных взаимодействий в белках; баз данных PDB, Uniprot, Swissprot, Refseq (proteins), Pfam, Pubmed; биологического смысла выравнивания биологических последовательностей; алгоритма парного выравнивания; особенностей алгоритма поиска по сходству blastp; смысла карты сходства двух последовательностей	Знания отсутствуют	Фрагментарные знания	Общие, но не структурированные знания	Сформированные систематические знания
Умения: делать HTML страницы; составлять запросы к базам молекулярно-биологических данных; извлекать информацию из	Умения отсутствуют	В целом успешное, но не систематическое умение	В целом успешное, но содержащее отдельные пробелы умение (допускает неточности непринципиального характера)	Успешное и систематическое умение

<p>записей банков данных; анализировать пространственные структуры белков; пользоваться основными программами пакета EMBOSS, составлять простые bash сценарии для обработки записей банков данных; строить парные и множественные выравнивания последовательностей</p>				
<p>Владения: программами blastp, Jalview; основными программами пакета EMBOSS; базовыми командами интерпретатора командной строки bash в ОС linux, bash сценариями</p>	<p>Навыки владения отсутствуют</p>	<p>Наличие отдельных навыков (наличие фрагментарного опыта)</p>	<p>В целом, сформированные навыки (владения), но используемые не в активной форме</p>	<p>Сформированные навыки (владения), применяемые при решении задач</p>

8. Ресурсное обеспечение:

- Прежде всего, интернет ресурсы, см. ниже.
- Перечень основной и дополнительной литературы:
Дополнительно к интернет ресурсам можно (но не обязательно) использовать литературу:
 1. Леск А.. Введение в биоинформатику.. - Москва: Бином. Лаборатория знаний, 2013
 2. Хауболд, Вие. Введение в вычислительную биологию. Эволюционный подход.. - Москва: НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика", 2011
- Перечень лицензионного программного обеспечения (при необходимости):
Все используемые биоинформатические программы и базы молекулярных данных являются свободно распространяемыми. Выполненные самостоятельные работы предоставляются студентом на учебной веб-странице. Для этого достаточен любой свободно распространяемый текстовый редактор (WordPad, NotePad++ и др.). Полезно иметь лицензионный Microsoft Office или любой бесплатный его аналог.
- Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем: Uniprot, Refseq (protein), Pfam, Pubmed, справочные материалы по пакету EMBOSS, bash, HTML и CSS, программам Jmol, Jsmol, JalView, доступные в Интернет. Справочные материалы на веб-ресурсе kodomio.fbb.msu.ru.

- Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» (при необходимости): без международных интернет ресурсов освоение программы курса **НЕВОЗМОЖНО.**

- Описание материально-технического обеспечения:

Помещения: компьютерные классы

Оборудование: сервер для обеспечения учебного процесса, компьютеры для компьютерных классов, два принтера, проекторы, оборудование для выхода в Интернет.

Иные материалы: программное обеспечение для сервера и компьютеров компьютерных классов