

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего профессионального образования
«Российский национальный исследовательский медицинский университет
имени Н.И. Пирогова» Министерства здравоохранения Российской Федерации
(ГБОУ ВПО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России)

«УТВЕРЖДАЮ»



Декан лечебного факультета
Дворников А.С. *[Signature]*

«01» 04 2016 г.

**АННОТАЦИЯ РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЫ ДИСЦИПЛИНЫ
«ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ»**

Направление подготовки (специальность): 31.05.01 Лечебное дело

Направленность образовательной программы Лечебное дело

Форма обучения: очная

Москва 20 16

При разработке рабочей программы учебной дисциплины (модуля) в основу положены:

- 1) ФГОС ВО по направлению подготовки (специальности) 31.05.01 Лечебное дело, утвержденный Министерством образования и науки РФ «9» февраля 2016 г. № 95
- 2) Учебный план по специальности 31.05.01 Лечебное дело

Составители:

Лагунин А.А., д.б.н., зав. кафедрой / Лагунин /
 Шилов Б.В., к.м.н., доцент / Шилов /

Ответственный рецензент:

Зав. кафедрой биохимии МБФ д.б.н.,
 профессор РАН Мошковский С.А. / Мошковский /

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена на заседании кафедры биоинформатики МБФ, протокол № 4 от «13» мая 2016 г.

Заведующий кафедрой Лагунин Лагунин А.А.

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена Советом Лечебного факультета, протокол № 9 от «01» июля 2016 г.

Председатель Совета факультета: Дворников А.С.

Дворников /

1. Целью изучения дисциплины является:

Получение студентами основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики, о приложении методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, что позволит молодым врачам эффективно использовать результаты современных постгеномных технологий в эффективной диагностике и персонализированном лечении пациентов.

2. Задачи, решаемые в ходе освоения программы дисциплины:

- Изучение и формирование навыков работы с крупнейшими международными интернет ресурсами биомедицинских данных (NCBI, EMBL).
- Формирование системных знаний по биоинформатике, связанных с анализом нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.
- Изучение и формирование навыков работы с результатами транскрипторных и геномных исследований полученных с использованием технологий секвенирования нового поколения.
- Формирование навыков использования методов биоинформатики для решения прикладных биомедицинских и клинических задач, эффективной диагностики и персонализированного лечения пациентов.

3. Место дисциплины в структуре ООП:

Учебная дисциплина изучается в 4 семестре очной формы обучения.

4. Перечень разделов дисциплины и их дидактическое содержание

№ п/п	№ компетенции	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела в дидактических единицах
1	2	3	4
1.	ОК-1 ОПК-1 ОПК-7 ПК-21	Введение в биоинформатику	История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы (state of the art). Виды биологических последовательностей. Источники. Биоинформатические базы данных. Основные научные проекты - генераторы молекулярно биологических данных. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Основы поиска записей, их использование в практической работе. Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Введение в базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные microarray экспериментов) в БД, форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах

			<p>данных. Формирование концепции и использование баз знаний в биоинформатике и системной биологии. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Базы данных по низкомолекулярным соединениям и лекарствам (PubChem, ChEMBL, DrugBank, ClinicalTrials.gov)</p>
2.	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-7 ПК-21</p>	<p>Парное и множественное выравнивание. BLAST, PSI-BLAST</p>	<p>Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий. Попарное выравнивание. BLAST(Basic Local Alignment Search Tool)» Принципы выравнивания последовательностей. Матрицы замен. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Toffee. Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.</p>
3	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-7 ПК-21</p>	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция</p>	<p>Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации). Транзиции и трансверсии.</p>

			<p>Факторы эволюции генетических систем. Генетическая и эпигенетическая наследственность. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. MEGA –программа для филогенетического анализа последовательностей.</p>
4	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-7 ПК-21</p>	<p>Структурная биоинформатика</p>	<p>Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, NCBI Structure, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.</p>
5	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-7 ПК-21</p>	<p>NGS – секвенирование следующего поколения. Сборка геномов. Анализ РНК и экспрессии генов</p>	<p>Современные принципы работы с целым геномом. Секвенирование нового поколения. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом (CLC Workbench). Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов. БД EBI: Array Express и Expression Atlas. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо-экспрессируемых генов. Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей). Использование анализа экспрессии генов в диагностике и терапии.</p>
6	<p>ОК-1 ОПК-1 ОПК-7 ПК-21</p>	<p>Биоинформатика в медицинских исследованиях и клинике</p>	<p>Анализ человеческого генома и заболевания человека. Анализ геномных вариаций и SNP в клинических исследованиях. Геномные браузеры UCSC, NCBI Map Viewer, Ensembl</p>

5. Общая трудоемкость дисциплины: 2 зачетные единицы (72 часа).