

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича

Навчально-науковий інститут біології, хімії та біоресурсів

СИЛАБУС
вибіркової навчальної дисципліни

Інформаційні ресурси в біотехнології

Освітньо-професійна програма: «Біотехнології та біоінженерія»

Спеціальність: 162 - Біотехнології та біоінженерія

Галузь знань: 16 – Хімічна та біоінженерія

Рівень вищої освіти **перший (бакалаврський)**

Навчально-науковий інститут біології, хімії та біоресурсів

Мова навчання українська

Розробники: к.б.н., О.В. Кеца – доцент кафедри біохімії та біотехнології;

к.б.н., Ю.О. Тинкевич – асистент кафедри молекулярної генетики та біотехнології

Профайл викладача: <http://ibhb.chnu.edu.ua/profile/user/56>

<http://ibhb.chnu.edu.ua/profile/user/153>

Контактний телефон: (0372) 58-48-38; (0372) 58-48-41

E-mail: o.ketsa@chnu.edu.ua; y.tynkevich@chnu.edu.ua

Сторінка курсу в Moodle: <https://moodle.chnu.edu.ua/course/view.php?id=1195>

Анотація дисципліни. Навчальна дисципліна «Інформаційні ресурси в біотехнології» викладається для студентів 4 курсу денної форми навчання спеціальності 162 - Біотехнології та біоінженерія. Програма курсу передбачає вивчення математичних методів комп'ютерного аналізу в геноміці, протеоміці, метаболоміці та мультиоміксних технологіях, програм та алгоритмів передбачення просторової структури біополімерів, аналізу стратегій та відповідних обчислювальних методологій. Зокрема, студенти вчать працювати з біологічними послідовностями (парне та множинне вирівнювання, обробка результатів сиквенування нового покоління (NGS) та використання отриманих даних для аналізу геномів, транскриптомів, визначення експресії окремих генів та метаболічних груп генів, тощо), біоінформаційними засобами прогнозування структури та функцій білків. Знання принципів роботи з сучасними методами та алгоритмами комп'ютерної обробки та аналізу даних сформує у студентів цілісний і системний погляд на організацію біологічної інформації на молекулярному рівні та дозволить розвинути навички корисні на сучасному науковому ринку праці.

1. Мета навчальної дисципліни: Формування у студентів сучасних уявлень про задачі біоінформаційного аналізу, доступні методи і ресурси. Знання, набуті під час вивчення дисципліни, допоможуть виконувати практичні завдання для аналізу метаболічних шляхів, вивчення структурної та функціональної організації нуклеїнових кислот та білків, проведення філогенетичного аналізу та ДНК-баркодингу, таргетного дизайну лікарських препаратів.

2. Пререквізити. Вивчення курсу базується на знаннях студентів, отриманих під час вивчення наступних дисциплін: «Загальна біохімія», «Молекулярна біологія», «Загальна біотехнологія», «Біологія клітини».

3. Результати навчання:

Під час освоєння дисципліни у студентів формуються наступні загальні та фахові компетентності:

Загальні компетентності	
Шифр	Формулювання отриманої компетентності
ЗК01.	Здатність застосовувати знання у практичних ситуаціях.
ЗК03.	Здатність спілкуватися іноземною мовою.
ЗК04.	Навички використання інформаційних і комунікаційних технологій.
Фахові компетентності	
ФК10.	Здатність використовувати знання з математики та фізики в обсязі, необхідному для досягнення інших результатів освітньої програми.
ФК18.	Здатність обирати і використовувати відповідне обладнання, інструменти та методи для реалізації та контролю виробництва біотехнологічних продуктів різного призначення.
ФК 26.	Здатність залучати новітні біотехнологічні підходи та методи для отримання та аналізу трансгенних ліній.
ФК 28.	Здатність використовувати біохімічні та молекулярно-генетичні маркери у дослідженні функціонального стану біологічних агентів при вирішенні різних питань біотехнології та суміжних наук.

Програмні результати навчання	
ПР01.	Вміти застосовувати сучасні математичні методи для розв'язання практичних задач, пов'язаних з дослідженням і проектуванням біотехнологічних процесів. Використовувати знання фізики для аналізу біотехнологічних процесів.
ПР02.	Вміти здійснювати якісний та кількісний аналіз речовин неорганічного, органічного та біологічного походження, використовуючи відповідні методи.
ПР06.	Вміти визначати та аналізувати основні фізико-хімічні властивості органічних сполук, що входять до складу біологічних агентів (білки, нуклеїнові кислоти, вуглеводи, ліпіди).

ПР 27.	Вміти використовувати біохімічні та молекулярно-генетичні маркери у дослідженні функціонального стану біологічних агентів при вирішенні різних питань біотехнології та суміжних наук.
--------	---

На основі вивчення курсу студент повинен **знати:**

- основні бази даних біологічної інформації;
- особливості організації геномів, транскриптомів та методи їх порівняльного аналізу;
- основні концепції відтворення й аналізу просторової організації біомолекул;

вміти:

- працювати з банками даних біологічних послідовностей і просторових структур;
- оперувати основними програмами аналізу нуклеотидних та амінокислотних послідовностей;
- використовувати інструменти первинної обробки результатів NGS;
- Використовувати дані NGS для порівняльного аналізу організації геномів, таксономічної ідентифікації організмів та визначення рівня експресії генів.
- реконструювати просторову структуру біологічних макромолекул;
- розраховувати поведінку і аналізувати особливості просторової структури білків;
- передбачати метаболічну активність молекул та аналізувати метаболічні шляхи.

Форми організації навчання: індивідуальна, групова, лекції, практична підготовка.

Методи навчання: проблемна лекція, тематична дискусія, інтерактивне навчання, практичні роботи, тренінг, розв'язування ситуаційних задач.

5. Опис навчальної дисципліни

5.1. Загальна інформація

Біоінформатика												
Форма навчання	Рік підготовки	Семестр	Кількість			Кількість годин						Вид підсумкового контролю
			кредитів	годин	змістових модулів	лекції	практичні	семінарські	лабораторні	самостійна робота	індивідуальні завдання	
Денна	4	8	3	90	3	16	-	-	17	57	-	іспит

5.2. Дидактична карта навчальної дисципліни

Назви змістових модулів і тем	Кількість годин											
	денна форма						заочна форма					
	усього	у тому числі					усього	у тому числі				
		л	п	лаб	інд	с.р.		л	п	лаб	інд	с.р.
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Змістовий модуль 1. Історія та засоби біоінформатики												
Тема 1. Вивчення організації геномів.	12	2		2		8						

транскриптомі в та методи їх порівняльного аналізу.												
Тема 2. Реконструювання просторової структури біомолекул	12	2		2		8						
Колоквіум 1	2			2								
Разом за змістовим модулем 1	26	4		6		16						
Змістовий модуль 2. Вирівнювання послідовностей												
Тема 3. Бази даних: нуклеотидні та геномні послідовності	11	2		2		7						
Тема 4. Інструменти первинної обробки результатів NGS	12	2		2		8						
Тема 5. ДНК-баркодинг.	10	2		2		6						
Колоквіум 2	1			1								
Разом за змістовим модулем 2	34	6		7		21						
Змістовий модуль 3. Методи біоінформаційних досліджень												
Тема 6. Методи передбачення структури та функцій білків.	9	2		1		6						
Тема 7. Конструювання лікарських засобів	9	2		1		6						
Тема 7. Біоінформатика в інтерпретації мікроарей-експерименту та мас-спектрометрії.	11	2		1		8						

Колоквіум 3	1			1								
Разом за змістовим модулем 3	30	6		4		20						
Всього	90	16		17		57						

5.3. Зміст завдань для самостійної роботи

№ з/п	Назва теми
1	Базові факти з біотехнології та молекулярної біології.
2	Нанобіотехнологія – спосіб практичного впровадження отриманих результатів.
3	Системна біологія – фундаментальна основа комплексного дослідження молекулярних основ життя.
4	Основні характеристики банків даних.
5	Визначення ступеня спорідненості послідовностей.
6	Пошук гомологічних та ортологічних послідовностей.
7	Побудова філогенетичних дерев.
8	Множинне вирівнювання. Філогенетичні дерева.
9	Розпізнавання білок-кодуючих областей в нуклеотидних послідовностях.
10	Родини білкових доменів: патерни, профілі, банки Pfam и ProSite.
11	Застосування мікроарраїв в біохімії та медицині.
12	Кількісна протеоміка та її застосування в системній біології.
13	Молекулярне моделювання в розробці ліків.
14	Родини білкових доменів: патерни, профілі, банки Pfam и ProSite.
15	Структурне моделювання та моделювання за гомологією.
16	Застосування мікроарраїв в біохімії та медицині. Кількісна протеоміка та її застосування в системній біології.

6. Система контролю та оцінювання

Види та форми контролю

Формами поточного контролю є усне опитування, тестове опитування, виконання практичних завдань лабораторної роботи, колоквиум.

Формою підсумкового контролю є іспит.

Засоби оцінювання

Засобами оцінювання та демонстрування результатів навчання можуть бути: контрольні роботи; стандартизовані тести; презентації студентів.

Критерії оцінювання результатів навчання з навчальної дисципліни

Оцінювання знань студентів здійснюється на основі результатів поточного, модульного та підсумкового контролю знань. Об'єктом оцінювання знань студентів є програмний матеріал дисципліни, засвоєння якого перевіряється під час даних контролів.

Поточний контроль здійснюється під час проведення практичних занять, перевірки самостійної роботи студентів та під час написання модульних контрольних робіт. Завданням поточного контролю є перевірка розуміння та засвоєння лекційного матеріалу, набуття

практичних навичок для вирішення поставлених завдань, уміння самостійно опрацювати теоретичний матеріал, висловлювати власні думки та їх обґрунтовувати, проводити презентацію опрацьованого матеріалу (письмово чи усно). Завданням підсумкового контролю (іспиту) є перевірка розуміння студентом програмного матеріалу в цілому, здатності логічно та послідовно розв'язувати практичні задачі, комплексно використовувати отримані знання.

Оцінювання знань студентів здійснюється за 100-бальною шкалою. Результати роботи студентів, впродовж навчального семестру, оцінюються в ході поточного контролю в діапазоні від 1 до 60 балів, а результати підсумкового контролю (екзамену) оцінюються від 1 до 40 балів.

Розподіл балів, які отримують студенти

Поточне оцінювання											Кількість балів (іспит)	Сумарна кількість балів
Змістовий модуль 1			Змістовий модуль 2				Змістовий модуль 3					
T1	T2	Кол 1	T3	T4	T5	Кол 2	T6	T7	T8	Кол 3	40	100
3	3	14	3	3	4	10	3	4	3	10		
Сума=20			Сума=20				Сума=20					

T1, T2 ... T8 – теми змістових модулів.

Шкала оцінювання: національна та ECTS

Оцінка за національною шкалою	Оцінка за шкалою ECTS	
	Оцінка (бали)	Пояснення за розширеною шкалою
Відмінно	A (90-100)	відмінно
Добре	B (80-89)	дуже добре
	C (70-79)	добре
Задовільно	D (60-69)	задовільно
	E (50-59)	достатньо
Незадовільно	FX (35-49)	(незадовільно) з можливістю повторного складання
	F (1-34)	(незадовільно) з обов'язковим повторним курсом

7. Рекомендована література

1. Івахно С.С. Мікроарей: огляд технологій та аналіз даних / С.С.Івахно, О.І.Корнелюк // Укр.біохім.журн. – 2004. – Т. 76, № 2. – С. 5 – 19.
2. Кеца О.В Основи біоінформатики: Навчально-методичний посібник. – Чернівці: Чернівецький нац. ун-т, 2018. – 192 с.
3. Лівшиць Л.А., Пампуха В.М., Ясінська О.А. та ін. Створення та впровадження в медичну практику тест-систем для генної діагностики тяжких спадкових захворювань // Наука та інновації. – 2005. – Т. 1, № 3. – С. 62 – 69.
4. Одинець К. О., Корнелюк О. І. Методи аналізу і моделювання просторової структури білків // Наук. записки НаУКМА. – 2001. – Т. 19, Природн. науки. – С. 7-17.
5. Одинець К.О. Структурна біоінформатика в постгеномну еру / К.О.Одинець, С.С.Івахно, Д.Б.Ковальський, Б.Т.Токовенко, О.І.Корнелюк // Біополімери і клітина. – 2004. – Т.20, № 1-2. – С. 78 – 91.
6. Шмараков І.О., Марченко М.М. Біоінформатика: Навчально-методичний посібник. – Чернівці: Рута, 2008. – 76 с.

Інформаційні ресурси

1. Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)
2. Protein Data Bank (<http://www.rcsb.org>)
3. xPASy Proteomics Server (<http://us.expasy.org/>)
4. European Bioinformatics Institute (<http://www.ebi.ac.uk/>)
5. SCOP (<http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/>)
6. CATH (<http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath/>)
7. PubMed (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi>)
8. PubMed Central (<http://www.pubmedcentral.nih.gov/>)
9. TIGR (The Institute for Genomic Research) (<http://www.tigr.org>)
10. PredictProtein (<http://www.emblheidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html>)
11. JPred (<http://www.compbio.dundee.ac.uk/~www-jpred/>)
12. NNPredict (<http://www.cmpharm.ucsf.edu/~nomi/nnpredict.html>) Journal of Biological Chemistry (<http://www.jbc.org>)
13. The Biology Project at the University of Arizona (<http://www.biology.arizona.edu/biochemistry/biochemistry.html>)
14. Metabolic Pathways of Biochemistry at George Washington University (<http://www.gwu.edu/~mpb/>)
15. Chemistry Biology Information Center at ETH Zurich (http://www.infochembio.ethz.ch/links/en/biochem_metabolismus.html)
16. Main Metabolic Pathways on the Internet (<http://home.wxs.nl/~pvsanten/mmp/main.htm>)
17. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) (<http://www.genome.ad.jp/kegg/metabolism.html>)
18. Enzyme Structures Database (<http://www.ebi.ac.uk/thornton-srv/databases/enzymes/>)