



Основи молекулярної біології та біоінформатики

Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	Перший (освітній)
Галузь знань	12 – Інформаційні технології
Спеціальність	122 Комп'ютерні науки
Освітня програма	Комп'ютерні технології в біології та медицині
Статус дисципліни	Цикл професійної підготовки
Форма навчання	Денна
Рік підготовки, семестр	2 курс, весняний семестр
Обсяг дисципліни	5 кредитів ЄКТС / 150 годин (Лекції-36 годин, комп'ютерні практикуми - 36 год, СР-78 годин)
Семестровий контроль/ контрольні заходи	Залік, модульна контрольна робота, домашня контрольна робота (ДКР)
Розклад занять	Згідно з розкладом на сайті rozklad.kpi.ua
Мова викладання	Українська
Інформація про керівника курсу / викладачів	д.б.н., проф., Настенко Євген Арнольдович, e-mail – nastenko.e@gmail.com ст. викладач, Кисляк Сергій Володимирович, bmk-ksv-fbmi@i111.kpi.ua
Розміщення курсу	https://classroom.google.com/c/NjU3ODYxNzEzNDU3

Програма навчальної дисципліни

1. Опис навчальної дисципліни, її мета, предмет вивчення та результати навчання

Актуальність. З появою ефективних методів секвенування біологічних послідовностей визначається вектор розвитку сучасної обчислювальної молекулярної біології, особливістю якого є аналіз великих об'ємів даних. Експоненційне накопичення молекулярно-біологічної інформації, вимагає від дослідників вирішення однієї з основних проблем біоінформатики, що пов'язана з наявністю невеликої кількості описаних біологічних послідовностей, що зберігаються у базах даних (наприклад Uniprot, Genbank), у порівнянні з тими, що потребують повного анотування. Удосконалення та оптимізація основних алгоритмів та базових методів біоінформатики, а також максимальна інтеграція математичних статистичних обчислювальних методів та сучасних інформаційних технологій, дозволить ефективно вирішувати поставлені молекулярно-біологічні задачі. Кожний етап біоінформаційного аналізу, починаючи з секвенування, асемблювання, картування, ідентифікації кодуєчих ділянок тощо, пов'язаний з застосуванням певних алгоритмів та вимагає від дослідника вміння використовувати програмні продукти та online-сервіси, що дозволяють вирішити поставлені задачі.

Метою дисципліни є вивчення особливостей та молекулярних механізмів реалізації генетичної інформації та формування у студентів базових знань та навичок роботи з популярними програмами та сервісами, що можуть бути застосовані для вирішення різноманітних задач обчислювальної молекулярної біології, таких як: проведення ресеквенування біологічних послідовностей; вивчення молекулярних основ генетичних захворювань; побудови філогенетичних дерев; проектування лікарських препаратів, ідентифікації генів. При цьому студенти отримують детальну інформацію щодо застосованих алгоритмів з можливістю їх подальшої реалізації та можливого удосконалення (оптимізації).

Дисципліна сприяє формуванню у здобувачів таких **компетентностей**:

Загальна компетентність

ЗК 3 - Знання та розуміння предметної області та розуміння професійної діяльності;

ЗК 11 - Здатність приймати обґрунтовані рішення;

Спеціальні (фахові) компетентності

ФК19 - Здатність аналізувати масиви медико-біологічних даних сигналів, за допомогою машинних алгоритмів та статистичних методів, включаючи традиційні методи секвенування ДНК та конструювання сигнальних мереж за даними ДНК-мікрочіпів;

Програмні результати навчання

ПР 23 - Використовувати методи біоінформатики для вирівнювання послідовностей, пошуку генів, збірки геномів, вирівнювання структур білків передбачення структур білків, передбачення експресії генів та білок-білкової взаємодії та реконструювання процесу еволюції;

2. Пререквізити та постреквізити дисципліни (місце в структурно-логічній схемі)

В структурно-логічній схемі програми підготовки фахівця навчальна дисципліна “Основи молекулярної біології та біоінформатики” входить до переліку нормативних дисциплін, циклу професійної підготовки.

Пререквізити . навчальна дисципліна викладається в 4-му семестрі 2-го курсу. Основою вивчення навчальної дисципліни є базові знання, які студенти набувають при вивченні навчальних дисциплін: “Основи біології та медицини” та “Теорія вибору альтернатив”.

Постреквізити. Отримані під час вивчення навчальної дисципліни «Основи молекулярної біології та біоінформатики» теоретичні знання та засвоєні практичні навички використовуються в подальшому під час вивчення навчальної дисципліни “Основи синергентики” а також є основою для підготовки дипломних робіт за спеціальністю та в подальшій практичній роботі за фахом

3. Зміст навчальної дисципліни

Вступна частина.

Розділ 1 Структура, функції, конформаційні модифікації білків та нуклеїнових кислот

Тема 1.1 Введення в молекулярну біологію.

Тема 1.2 Фізико-хімічні основи молекулярної біології

Тема 1.3 Будова, та функції біологічних полімерів

Тема 1.4 Організація геномів вірусів та фагів, прокариот та еукариот

Розділ 2 Основні етапи процесу біосинтезу білка

Тема 2.1 Транскрипція у про- та еукариот

Тема 2.2 Процесінг еукариот.

Тема 2.3 Трансляція у прокариотичних та еукариотичних організмів

Розділ 3 Реплікація, репарація та рекомбінація ДНК

Тема 3.1 Реплікація ДНК

Тема 3.2 Репарація ДНК

Тема 3.3 Рекомбінація ДНК

Розділ 4 Сучасні методи молекулярної біології та генної інженерії

Тема 4.1 Ампліфікація ДНК

Тема 4.2 Секвенування ДНК

Розділ 5 Біоінформатика послідовностей

Тема 5.1 Предмет, цілі та задачі основні розділи біоінформатики. Історія становлення біоінформатики

Тема 5.2 Методи секвенування біологічних послідовностей (методи секвенування третього покоління

Тема 5.3 Алгоритми асемблювання ридів на основі графа де-Брюїна.

Тема 5.4 Бази даних біологічних послідовностей. Формати даних біологічних послідовностей.

Тема 5.5 Алгоритми парного вирівнювання біологічних послідовностей. Якість вирівнювання.

Матриці амінокислотних замінів PAM, BLOSUM.

4. Навчальні матеріали та ресурси

Базова література:

1. Кисляк С.В., Настенок Є.А. Основи молекулярної біології та біоінформатики [Електронний ресурс] : навч. посіб. для студ. спеціальності 122 «Комп'ютерні науки та інформаційні технології спеціалізації «Інформаційні технології в біології та медицині» / С.В.Кисляк, Є.А.Настенко; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл, 2957 Кбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2018. – 95 с. <https://ela.kpi.ua/bitstream/123456789/27529/1/molbiolbioinformatics.pdf>
2. Моделювання молекулярної взаємодії [Електронний ресурс] / С. В. Кисляк, Голуб Н. Б., Дуган О. М., Аверьянова О. А. ; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл, 26 Мбайт). – Київ : КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2023. – 203 с.
3. Кеца О. В. Основи біоінформатики: навч.-метод. посібник / О. В. Кеца. – Чернівці: Чернівецький нац. ун-т ім. Ю. Федьковича, 2018. – 192 с.

Додаткова література:

4. Frances S. Turner. Assessment of insert sizes and adapter content in fastq data from NexteraXT libraries//Frontiers in Genetics. Bioinformatics and Computational Biology.-January 2014 .- V. 5.- Article 5
5. Eva C Berglund, Anna Kiialainen, and Ann-Christine Syvänen. Nextgeneration sequencing technologies and applications for human genetic history and forensics// Investig Genetic.- 2011; 2: 23.
6. Babraham bioinformatics [Електронний ресурс]. – Режим доступу: <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>
7. David J Edwardsand, Kathryn E Holt. Beginner’s guide to comparative bacterial genome analysis using next-generation sequence data// Microb Inform Exp.- 2013.-
8. David J. Edwards, Kathryn E. Holt. Bacterial Comparative Genomics Tutorial. [Електронний ресурс].- Режим доступу: <https://holtlab.net/2015/02/25/tools-for-bacterial-comparative-genomics/>
9. Maite Muniesa, Jens A. Hammerl, Stefan Hertwig, Bernd Appel, Harald Brüssow Shiga Toxin-Producing Escherichia coli O104:H4: a New Challenge for Microbiology// Appl Environ Microbiol. 2012 Jun; 78(12): 4065–4073.
10. Li Z. et al. Comparision of the two major classes of assembly algorithms: overlap-layout consensus and de-bruijn-graph//Breifings in functional genomics, 2012, 11(1):25-37

Інформаційні ресурси:

1. <https://ru.coursera.org/>
2. <http://ugene.net/>
3. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
4. PDB <http://www.rcsb.org/pdb/>
5. Prosite <http://www.expasy.ch/prosite/>
6. Ensembl <http://www.ensembl.org/index.htm>
7. Uniprot <https://www.uniprot.org/>

Навчальний контент

5. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

Методи навчання: пояснювально-демонстраційний, частково-пошуковий, дослідницький, метод проблемного викладання. Способи і методи, що використовуються в освітньому процесі, спрямовані на підвищення якості підготовки шляхом розвитку “soft-skills” (творчих здібностей,

креативності, комунікації, роботи в групі і самостійно); націлені на активізацію творчого потенціалу та самостійності.

Рекомендації щодо засвоєння навчальних занять (у формі опису кожного лекційного заняття та комп'ютерного практикуму):

5.1. Лекційні заняття

№	Теми лекційних занять	Кіль-ть годин
1	<p>Історія розвитку та становлення молекулярної біології. <u>Основні питання:</u> Клітина – структурно-функціональна одиниця життя, її системна організація. Різновиди клітин, риси відмінності і подібності. Функціональні клітинні системи як місця локалізації молекулярних механізмів життя.</p>	2
2	<p>Фізико-хімічні основи молекулярної біології. <u>Основні питання:</u> Вільна енергія; рівновага утворення комплексів молекул у розчині. Ковалентний зв'язок між атомами в молекулах. Властивості ковалентного зв'язку. Механізм гнучкості полімерного ланцюга. Перебудови системи ковалентних зв'язків у хімічних реакціях. Нековалентні взаємодії між атомами й молекулами. Ван-дер-Ваальсові взаємодії. Електростатичні (іонні) взаємодії. Водневий зв'язок. Гідрофобні взаємодії. Конформаційні модифікації білків та нуклеїнових кислот. Література [2]</p>	2
3	<p>Первинна структура нуклеїнових кислот. <u>Основні питання:</u> Нуклеотиди - мономери нуклеїнових кислот; пуринові та піримідинові основи. Цукровий компонент нуклеотидів. Нуклеозиди. Кількісне співвідношення азотистих основ у нуклеїнових кислотах. Правила Чаргаффа. Стабілізація структури ДНК. Уотсон - Кріковські комплементарні пари основ. Макромолекулярна структура ДНК. Подвійна спіраль Уотсона – Кріка. Принцип компліментарності та його біологічне значення. Хімічна будова білків. Амінокислоти, пептидний зв'язок і поліпептидний ланцюг. Вторинна структура. α-Спіраль; β-Структура. Спіраль₃₁₀. β-Поворот; глобулярна структура. Роль вторинної структури в утворенні глобули, стабілізація глобули, структурна класифікація глобулярних білків. Структура мембранних білків. Література [2]</p>	2
4	<p>Організація геномів вірусів та фагів, прокариот та еукаріот <u>Основні питання:</u> Віруси як особлива форма життя. Загальна характеристика вірусів. Життєвий цикл ДНК- і РНК-вірусів. Походження та будова вірусу SARS-CoV-2. Особливості реплікації SARS-CoV-2. Структура бактеріальної хромосоми та прокариотичних генів. Бактеріальні плазміди. Організація ДНК у клітинах еукаріот: геноми та структура хроматину. Організація геномів. Генетичний код. Молекулярна організація хроматину еукаріот. Література [2]</p>	2
5	<p>Транскрипція у про- та еукаріот <u>Основні питання:</u> Транскрипція у прокариотичних організмів. РНК-полімераза. Загальний сценарій транскрипції в бактерій. Структура РНК-полімерази. Ініціація транскрипції, елонгація транскрипції, термінація транскрипції. Регуляція транскрипції. Промоторні ділянки прокариот. Лактозний оперон. Транскрипція у еукаріотичних організмів. Будова та функції РНК-полімерази II. Базальні фактори транскрипції; ініціація транскрипції РНК-полімеразою II. РНК-полімерази I і III. Ініціація транскрипції генів рибосомної РНК.</p>	2

	Ініціація транскрипції; РНК-полімераза III. Література [2]	
6	Процесинг еукаріотичних мРНК. <u>Основні питання:</u> Кепування; сплайсинг; сплайсосома: механізм сплайсингу. Поліаденілування мРНК і термінація транскрипції. Альтернативний сплайсинг; транс-сплайсинг; редагування мРНК. Література [2]	2
7	Трансляція у прокаріотичних та еукаріотичних організмів. <u>Основні питання:</u> Транспортні РНК. Структура тРНК. Аміноацилювання тРНК. Рибосома; склад рибосоми, структура рибосоми. Елонгаційний цикл, елонгаційний фактор EF1.Зв'язування aa-тРНК з А-сайтом рибосоми. Транспептидація; транслокація; ініціація трансляції у прокаріот. Ініціація трансляції в еукаріот. Термінація трансляції; регуляція трансляції. Формування просторової структури білка, закономірності укладання білкової глобули. Література [2]	2
8	Реплікація ДНК . Реплікон. <u>Основні питання:</u> Структура ДНК-полімерази й полімеразна реакція. Особливості ДНК-полімерази в порівнянні з РНК-полімеразою. Геліказа й білки SSB. Синтез ланцюга, що запізнюється. Голофермент ДНК-полімерази; ініціація реплікації бактерій; Особливості еукаріотичної системи реплікації; Еукаріотичні ДНК-полімерази. Ініціація реплікації еукаріот. Структурні зміни хроматину під час реплікації. Література [2]	2
9	Методи секвенування <u>Основні питання:</u> Методи секвенування першого та другого покоління (метод Sangera, піросеквенування, Illumina). Метод полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР).	2
10	Методи секвенування біологічних послідовностей <u>Основні питання:</u> Методи секвенування наступного покоління (секвенування одиничних молекул, платформа Pacific biosinces, Oxford nanopore). Література [2]	2
11	Алгоритми асемблювання ридів на основі графа де-Брюїна. (Ч1) <u>Основні питання:</u> Огляд сучасних асемблерів. Euler, Spades, Velvet, ALLPATHS, ABySS. Алгоритми асемблювання ридів на основі графа де-Брюїна. Особливості асемблювання ридів на етапах: попереднього виправлення помилок, побудові графа де Брюїна; корекції графа; дозволу повторів; отримання контигів та скефолдів; консенсусу. ДНК-чипи. Використання флуоресцентних міток для задач асемблювання геномів. Література [3]	2
12	Алгоритми асемблювання ридів на основі графа де-Брюїна. (Ч2) <u>Основні питання:</u> Огляд сучасних асемблерів. Euler, Spades, Velvet, ALLPATHS, ABySS. Алгоритми асемблювання ридів на основі графа де-Брюїна. Особливості асемблювання ридів на етапах: попереднього виправлення помилок, побудові графа де Брюїна; корекції графа; дозволу повторів; отримання контигів та скефолдів; консенсусу. ДНК-чипи. Використання флуоресцентних міток для задач асемблювання геномів. Література [3]	2

13	Бази даних біологічних послідовностей. <u>Основні питання:</u> Формати даних біологічних послідовностей. Банки послідовностей нуклеїнових кислот та білків GenBank, EMBL, Uniprot. Основні характеристики та класифікація банків даних. Схема надходження даних. Поняття про тотожність (ідентичність), схожість та гомологію біологічних послідовностей. Поля записів банку Uniprot. Список типів даних в полях записів банків GenBank, EMBL, Uniprot. Література [3]	2
14	Алгоритми парного вирівнювання біологічних послідовностей. (Ч1) <u>Основні питання:</u> Якість вирівнювання. Матриці амінокислотних замінів PAM, BLOSUM. Парне вирівнювання біологічних послідовностей. Формальне визначення парного вирівнювання. Якість вирівнювання. Вагові матриці амінокислотних та нуклеотидних замінів, їх імовірнісні значення. Матриця замінів Dotplot. Особливості, переваги та недоліки методу динамічного програмування. Алгоритм глобального вирівнювання Нідлмана-Вунша. Література [1]	2
15	Алгоритми парного вирівнювання біологічних послідовностей. (Ч2) <u>Основні питання:</u> Якість вирівнювання. Матриці амінокислотних замінів. Алгоритм локального вирівнювання методом динамічного програмування. Модифіковані алгоритми локального та глобального вирівнювання. Алгоритм вирівнювання, що враховує афінну штрафну функцію. Література [1]	2
16	Вирівнювання з лінійною пам'яттю. <u>Основні питання:</u> Алгоритм Міллера-Майєрса. Література [1]	2
17	Алгоритми множинного вирівнювання біологічних послідовностей. <u>Основні питання:</u> Алгоритми множинного вирівнювання біологічних послідовностей. ClustalW, Muscle. Література [1]	2
18	Пошук гомологів в банках даних. <u>Основні питання:</u> Евристичні алгоритми. Поняття про хешування. Пошук гомологів в банках даних. Евристичні алгоритми BLAST, FASTA. Поняття про хешування. Біологічна значущість вирівнювання. Параметри Z-score, P-value и E-value. Література [1]	2
Разом		36

5.2. Комп'ютерні практикуми

Основні завдання циклу практичних занять:

- працювати з програмами та веб-сервісами для вирішення різноманітних задач молекулярної біології;
- орієнтуватись в базових алгоритмах геноміки, алгоритмах передбачення структури РНК та пошуку генів.

№	Тематика комп'ютерних практикумів	Кіль-ть
---	-----------------------------------	---------

		ГОДИН
1	Оцінка якості даних секвенування (бактеріальний геном патогенного штаму E.coli). Технологія очистки даних, що були отримані при секвенуванні геномів про -, та еукаріот. Формат FASTQC. Оцінка якості сіквенсів. Шкала Phred 32, Phred 64. Формат Fastq.	2
2	Асемблювання генома патогенного штаму E.coli за допомогою асемблера Spades. Оцінка якості отриманої збірки геному патогенного штаму E.coli. Особливості асемблювання ридів на етапах: попереднього виправлення помилок, побудові графа де Брюїна; корекції графа; дозволу повторів; отримання контигів та скефолдів; консенсусу.	2
3	Пошук гомологічних послідовностей за допомогою алгоритму BLAST Пошук гомологів в банках даних. Евристичні алгоритми BLAST, FASTA. Поняття про хещування. Біологічна значущість вирівнювання. Параметри Z-score, P-value и E-value.	2
4	Ресеквенування біологічних послідовностей. Вирівнювання на референсний геном Використання суфікських масивів для задач ресеквенування, алгоритми побудови суфікських дерев. Програма Bowtie Перелік дидактичних засобів Використання комп'ютера, методичних рекомендацій, презентацій лекцій.	2
5	Пошук кодуєчих ділянок геномів патогенного штаму E.coli. Особливості молекулярної організації генів прокариот, промотери и термінатори генів, ідентифікація відкритих рамок зчитування ORF.	2
6	Вирівнювання амінокислотних послідовностей. Алгоритм глобального вирівнювання Нідлмана – Вунша. Програми вирівнювання пакета EMBOSS Динамічне програмування, матриця динамічного програмування, матриці замін амінокислот PAM, BLOSUM, особливості процедури зворотнього проходу.	2
7	Вирівнювання амінокислотних послідовностей. Алгоритм локального вирівнювання Сміта - Уотермана. Програми локального вирівнювання пакета EMBOSS. Динамічне програмування, матриця динамічного програмування, матриці замін амінокислот PAM, BLOSUM, особливості процедури зворотнього проходу.	2
8	Модифіковані алгоритми парного вирівнювання. Алгоритм вирівнювання, що враховує повтори.	2
9	МКР	2
Разом		18

6. Самостійна робота студента

Для самостійної роботи студента передбачено 78 годин. Пропонується такий розподіл годин за темами і видами робіт:

- 1) На підготовку до заліку - 6 год.
- 2) На підготовку до ДКР - 10 год.
- 3) На підготовку до модульної контрольної роботи - 4 год.
- 4) На підготовку до аудиторних (лекційних та КП) занять згідно таблиці - 58 год.:

№	Назви тем з підготовки до аудиторних занять	Кількість годин СРС
1.	Процесінг мРНК еукаріот (сплайсинг). Альтернативний сплайсинг	8
2.	Процесінг мРНК еукаріот (поліаденілування).	8
3.	Основні етапи процесу біосинтезу білка	9
4.	Алгоритми асемблювання ридів на основі графа де-Брюїна	10
5.	Алгоритми парного вирівнювання біологічних послідовностей. Якість вирівнювання. Матриці амінокислотних замін PAM, BLOSUM.	8
6.	Світова коронавірусна криза. Особливості молекулярної організації мРНК вакцини Phizer. Еволюція Sars-cov2	15

Політика та контроль

7. Політика навчальної дисципліни (освітнього компонента)

Правила відвідування занять. Відвідування лекцій, практичних занять, а також відсутність на них, не оцінюється. Студентам рекомендується відвідувати заняття, оскільки на них викладається теоретичний матеріал та розвиваються навички, необхідні для формування компетентностей, визначених стандартом освіти. Система оцінювання орієнтована на отримання балів за активність студента, а також виконання завдань, які здатні розвинути практичні уміння та навички. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, працевлаштування, міжнародне стажування тощо) навчання може відбуватися у додатковий час за погодженням із керівником курсу. Захист індивідуальних завдань проводиться на практичних заняттях.

Політика щодо дедлайнів та перескладання. Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються з пониженням рейтингової оцінки. Викладачем визначаються дедлайни виконання розрахункової роботи та захистів 8 практичних робіт. Політика та принципи академічної доброчесності визначені у розділі 3 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше можна ознайомитись за посиланням: <https://kpi.ua/code>.

Правила поведінки на заняттях. Норми етичної поведінки студентів і працівників визначені у розділі 2 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше за посиланням: <https://kpi.ua/code>. Використання додаткових джерел інформації під час оцінювання знань заборонено (у т.ч. мобільних пристроїв).

Штрафні бали:

№		
1	Несвоєчасна здача виконаного завдання з практичного заняття	-1 б

Сума як штрафних балів не має перевищувати $0,1 R_C = 100$ балів $\times 0,1 = 10$ балів

Дистанційне навчання

Дистанційне навчання відбувається через Платформу дистанційного навчання «Сікорський».

Дистанційне навчання через проходження додаткових он-лайн курсів за певною тематикою допускається за умови погодження зі студентами. У разі, якщо невелика кількість студентів має бажання пройти он-лайн курс за певною тематикою, вивчення матеріалу за допомогою таких курсів допускається, але студенти повинні виконати всі завдання, які передбачені у навчальній дисципліні. Список курсів пропонується викладачем після виявлення бажання студентами (оскільки банк доступних курсів поновлюється майже щомісяця). Студент надає документ, що підтверджує проходження дистанційного курсу (у разі проходження повного курсу) або надає виконані практичні завдання з дистанційного курсу та за умови проходження усної співбесіди з викладачем за пройденими темами може отримати оцінки за контрольні заходи, які передбачені за вивченими темами (експрес-контрольні / тестові завдання, практичні роботи). Виконання практичних робіт, а також виконання розрахунково-графічної роботи, здійснюється під час самостійної роботи студентів у дистанційному режимі (з можливістю консультування з викладачем через електронну пошту, соціальні мережі).

8. Види контролю та рейтингова система оцінювання результатів навчання (PCO)

Поточний контроль: виконання комп'ютерних практикумів (48 балів), виконання домашньої контрольної роботи (22 балів), МКР (30 балів).

Календарний контроль: проводиться двічі на семестр як моніторинг поточного стану виконання вимог силабусу. Є два можливих результати календарного контролю: атестований (а) та неатестований (н/а). Результат залежить від кількості набраних балів на момент проведення календарного контролю відповідно до вимог КПП ім. Ігоря Сікорського.

Семестровий контроль: залік.

Система оцінювання (поточний контроль):

Рейтинг студента складається з балів, що він отримує за:

- 1) виконання завдань на 8 комп'ютерних практикумах;
- 2) 1 модульну контрольну роботу;
- 3) виконання домашньої контрольної роботи;

Система рейтингових (вагових) балів занять і рейтингових оцінок за видами контролю

№	Вид контролю	Бал	Кількість	Сума балів
1	Виконання комп'ютерних практикумів			
	ваговий бал	6	8	48
2	Модульна контрольна робота			
	ваговий бал	30	1	30
3	ДКР			
	ваговий бал	22	1	22
	Всього			100

¹- Якість виконання завдання на комп'ютерному практикумі :

- завдання виконане повністю, звіт надано своєчасно - 6 балів;
- робота містить несуттєві помилки або не повністю виконане завдання, звіт надано своєчасно - 5 балів;
- робота містить суттєві помилки, звіт наданий не своєчасно -4 - 3,5 бали;
- робота не захищена, звіт надано не своєчасно з суттєвими помилками – 0 балів.

²- Якість виконання модульної контрольної роботи:

- повна розкрита відповідь (не менше 95% інформації) - 29 - 30 балів;
- помилка в задачі або неповна відповідь на одне питання (не менше 85% інформації) - 26 - 28 балів;
- помилка в задачі або неповна відповідь на два питання (не менше 75% інформації) – 22-27 балів
- помилка в задачі та неповні відповіді на три питання (не менше 65% інформації) - 20-21 балів;
- помилка в задачі та відсутня відповідь на одне питання та неповні відповіді на два питання (не менше 60% інформації) - 18-19 балів;
- помилка в задачі та відсутні відповіді на три питання (менше 60% інформації) – 0 балів
- робота не надана - 0 балів.

³- Якість виконання ДКР та захист (в тому числі з лекційного матеріалу):

«Відмінно», виконана робота правильно та якісно. З захист звіту надано не менше 90% потрібної інформації.	- 22-20 балів
«Добре», робота виконана з помилками в одному завданні. З захист звіту надано не менше 75% потрібної інформації.	- 19-16 балів
«Достатньо», робота виконана з помилками у двох завданнях. З захист звіту надано не менше 60% потрібної інформації).	- 15-13 балів
«Незадовільно», робота не захищена, а захист звіту не відповідає вимогам до «Достатньо»	- 0 балів

Умови допуску до заліку: зарахування ДКР, відпрацювання та захист 8 комп'ютерних практикумів, написання МКР не менше ніж на «достатньо», а також стартовий рейтинг (r_c) не

менше 40% від R_c , тобто 40 балів. Студенти, які набрали протягом семестру рейтинг з кредитного модуля менше $0,6 R$, зобов'язані виконувати залікову контрольну роботу. Студенти, які набрали протягом семестру необхідну кількість балів ($RD \geq 0,6 R$), мають можливості:

- отримати залікову оцінку (залік) так званим «автоматом» відповідно до набраного рейтингу;
- виконувати залікову контрольну роботу з метою підвищення оцінки;
- у разі отримання оцінки, більшої ніж «автоматом» з рейтингу, студент отримує оцінку за результатами залікової контрольної роботи;
- у разі отримання оцінки меншої, ніж «автоматом» з рейтингу, кафедра застосовує жорстку РСО – попередній рейтинг студента з дисципліни скасовується і він отримує оцінку тільки за результатами залікової контрольної роботи.

Залікова контрольна робота проводиться на останньому за розкладом занятті з дисципліни.

Залікова контрольна робота оцінюється із 100 балів та визначається як сума балів за залікову контрольну роботу та балів за індивідуальне семестрове завдання (ДКР). При цьому розмір шкали оцінювання залікової контрольної роботи зменшується на максимальне значення балів, передбачених за виконання ДКР (22 бали). <https://osvita.kpi.ua/node/37> (п.3.12)

Виходячи з розміру шкали $RD = R_{зал} + R_{індюз} = 100$ балів

$$R_{зал} = RD - R_{індюз} = 100 - 22 = 78 \text{ балів}$$

- 1) Залікове теоретичне питання №№1-2 – ваговий бал 24
- 2) Залікове теоретичне питання №3 – ваговий бал 30.

<u>Критерій оцінювання залікового теоретичного питання №№1-2</u>	
«Відмінно», відповідь правильна (не менше 90% потрібної інформації)	- 24-22 балів
«Добре», є несуттєві помилки у відповіді (не менше 75% потрібної інформації)	- 21-18 балів
«Достатньо», є недоліки у відповіді та певні помилки (не менше 60% потрібної інформації).	- 17-14,5 балів
«Незадовільно», відповідь відсутня або не відповідає вимогам до «Задовільно»	- 0 балів

<u>Критерій оцінювання залікового теоретичного питання №3</u>	
«Відмінно», виконані всі вимоги завдання (не менше 90% потрібної інформації)	- 30-27 балів
«Добре», виконані всі вимоги до завдання, або є несуттєві помилки (не менше 75% потрібної інформації)	- 26-23 балів
«Задовільно», є недоліки щодо виконання вимог до завдання і є певні помилки. (не менше 60% потрібної інформації).	- 22-18 балів
«Незадовільно», відповідь відсутня або не відповідає вимогам до «Задовільно»	- 0 балів

Таблиця переведення рейтингових балів до оцінок за університетською шкалою:

Кількість балів	Оцінка за університетською шкалою
100-95	Відмінно
94-85	Дуже добре
84-75	Добре
74-65	Задовільно

<i>64-60</i>	<i>Достатньо</i>
<i>Менше 60</i>	<i>Незадовільно</i>
<i>Не виконані умови допуску</i>	<i>Не допущено</i>

9. Додаткова інформація з дисципліни (освітнього компонента)

Перелік питань для підготовки до модульної контрольної роботи та заліку наведено у Додатку 1. Дистанційне навчання через проходження додаткових онлайн-курсів за певною тематикою допускається, за умови погодження зі студентами. У разі, якщо невелика кількість студентів має бажання пройти онлайн-курс за певною тематикою, вивчення матеріалу за допомогою таких курсів допускається, але студенти повинні виконати всі завдання, що передбачені програмою навчальної дисципліни. Список курсів пропонується викладачем після виявлення бажання студентами, оскільки банк доступних курсів поновлюється майже щомісяця. Студент надає документ, що підтверджує проходження дистанційного курсу (у разі проходження повного курсу), або надає виконані практичні завдання з дистанційного курсу та, за умови проходження усної співбесіди з викладачем за пройденими темами, може отримати оцінки за контрольні заходи, що передбачені за вивченими темами.

Робочу програму навчальної дисципліни (силабус):

Складено:

професором кафедри біомедичної кібернетики Настенком Євгеном Арнольдовичем
старшим викладачем кафедри біомедичної кібернетики Кисляком Сергієм Володимировичем

Ухвалено кафедрою біомедичної кібернетики (протокол № 1 від 28.08.2023 р.)

Погоджено Методичною комісією факультету ФБМІ (протокол № 1 від 01.09.2023р.)

Перелік питань для підготовки до модульної контрольної роботи та заліку

1. Генетичний код. Властивості генетичного коду. Особливості транлювання нуклеотидної послідовності у амінокислотну. Поняття відкритої рамки зчитування (ORF). Стартові та стоп триплети генетичного коду.
2. Молекулярна організації генів прокаріот. Структура промотора генів прокаріот. Оперонна організація генів прокаріот. Особливості організації транскрипційного термінатора генів прокаріот.
3. Особливості молекулярної організації генів тРНК та рРНК прокаріот. Дати визначення терміну «поліцистронний транскрипт».
4. Особливості молекулярної організації геномів еукаріот. Структура еукаріотичного гена, що кодує білок.
5. Характеристика регуляторних елементів генів, що кодують білки. Промотори, енхансери і сайленсери генів еукаріот.
6. Особливості молекулярної організації та структура рибосомних генів еукаріот. Посттранскрипційна модифікація первинного транскрипту генів тРНК та рРНК (18S, 5,8S, 28S) людини. Молекулярна організація генів 5SPHK еукаріот.
7. Транскрипція у прокаріот. Структура РНК-полімерази. Робочий цикл транскрипції (особливості ініціації, елонгації та термінації транскрипції). Регуляція транскрипції у прокаріот (пояснити на прикладі лактозного оперона). Регуляція транскрипції за участю δ субодиниці РНК-полімерази прокаріот.
8. Особливості транскрипції у еукаріот. Види РНК полімераз, що забезпечують синтез РНК у еукаріот. РНК-полімераза II. Характеристика преініціаторного комплексу. Функція TFIIID.
9. Характеристика базальних факторів транскрипції. Особливості будови та функція STD (C-Terminal domain) РНК-полімерази II. Фосфорилування STD. Функція TFIIH.
10. Особливості транскрипції в еукаріот. РНК-полімераза II. Характеристика преініціаторного комплексу. Організація промотора РНК-полімерази II. Загальна характеристика базальних факторів транскрипції. Особливості зв'язування TFIIID з базальним промотором. Ініціація транскрипції РНК-полімеразою II. Функції білкових факторів транскрипції.
11. Прецесинг рРНК та тРНК прокаріотичних організмів.
12. Процесинг еукаріотичних мРНК. Особливості кепування 5`- кінця мРНК. Роль фактора TFIIH. Функція кепа.
13. Процесинг еукаріотичних мРНК . Сплайсинг мРНК. Альтернативний сплайсинг. Регуляція сплайсингу
14. Процесинг еукаріотичних мРНК . Поліаденілування мРНК.
15. Трансляція. Ініціація трансляції. Основні етапи трансляції. Активація амінокислот. Елонгаційний цикл (зв'язування aa-тРНК з А-сайтом, транспептидація, транслокація)
16. Реплікація ДНК, білкові фактори реплікації.
17. Особливості організації мРНК вакцини Pfizer.
18. Характеристика Paired – End та Mate pair бібліотек для секвенування (Illumina NGS).
19. Технологія секвенування першого покоління. Метод Сангера.
20. Ампліфікація при секвенуванні біологічних послідовностей. Етапи проведення, температурний профіль ПЦР. Застосування ПЦР в медицині.
21. Метод Illumina. Особливості проведення мостової ампліфікації (bridge amplification). Переваги та недоліки секвенування за допомогою Illumina. Чому риди Illumina мають довжину не більше 300 нуклеотидів?
22. Особливості секвенування одиничних молекул у реальному часі (SMRT). Платформи Pacific Biosciences та Oxford Nanopore їх переваги та недоліки.
23. Оцінка якості рідів. Шкала якості Phred 33 та Phred 64. Формат FASTQ. Контроль якості даних та їх покращення.

24. Особливості асемблювання (збірки) геномів про- та еукаріот. Ейлерів та Гамільтонів цикли в графах. Для 5-6 к-мерів довільної довжини побудувати граф OLC (Overlap Layout Consensus) та граф де Брейна та відновити послідовність нуклеотидів фрагменту геному.
25. Особливості побудови парного графу де Брена.
26. Алгоритм реалізації переходу від циклічних до лінійних послідовностей на етапі збірки «reads».
27. Вирівнювання біологічних послідовностей: глобальне, локальне, точкова матриця Dot plot.
28. Міра подібності біологічних послідовностей. Відстань Хеммінга та Левенштайна.
29. Операції редагування. Види операцій редагування та штрафів за видалення (делеції). Як отримати оптимальне вирівнювання біологічних послідовностей.
30. Схеми оцінок нуклеотидних та амінокислотних замін. Матриці PAM та BLOSUM.
31. Алгоритм глобального вирівнювання Нідлмана – Вунша.