**Муниципальное общеобразовательное учреждение**

**«Средняя общеобразовательная школа№ 2» города Ржева Тверской области**

**Интегрированный урок-лекция по информатике и биологии**

**«Биоинформатика»**

***Цели и задачи урока:***

1. Показать взаимосвязь информатики, биологии на основе общности ряда законов живой и неживой природы, углубить представления о единстве материального мира, взаимосвязи и обусловленности явлений, их познаваемости.
2. Активизировать мышление, умение самостоятельно формулировать выводы.
3. Развитие мотивации изучения информатики, биологии, повышение интереса к предметам естественно – научного цикла, используя разнообразные приёмы деятельности, сообщение интересных сведений.

**Ход лекции:**

|  |  |
| --- | --- |
| ***Автор*** | Хрусталева Татьяна Вячеславовна |
| ***Должность*** | учитель первой категории |
| ***Предмет*** | Информатика Биология |
| ***Класс*** | 10-11 |
| ***Тема*** | Биоинформатика |
| ***Продолжительность*** | Лекция рассчитана на 2 часа учебного времени, удобно использовать спаренные уроки. |
| ***Необходимое техническое оборудование:*** проектор, экран, компьютер. | |

Слайд 3

В последние десятилетия появилось много новых научных дисциплин с модными названиями: биоинформатика, геномика, протеомика, системная биология и другие.

Все знают, что биоинформатика — это как-то связано с компьютерами, ДНК и белками и что это передний край науки. Более подробными сведениями может похвастаться далеко не каждый даже среди биологов и программистов.

Слайд 4

Биоинформатика – это:

* Исследование информационных процессов в биологических системах (клетках, органах, организме, популяции).
* Изучение и внедрение в компьютерную науку «биологических» методов анализа информации (нейросетей, генетических алгоритмов, нечеткой логики и др.).
* Применение компьютерных методов для решения биологических задач.

Слайд 5

Примеры задач биоинформатики

* Разработка алгоритмов для анализа большого объема биологических данных. Алгоритм поиска генов в геноме
* Анализ и интерпретация биологических данных таких, как нуклеотидные и аминокислотные последовательности, структура молекул белков, структура комплексов молекул белков с другими молекулами. Изучение структуры активного центра белка
* Разработка программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным. Создание банка данных аминокислотных последовательностей

Слайд 6

В начале «геномной революции» термин «биоинформатика» обозначал создание и техническое обслуживания базы данных для хранения биологической информации.

Слайд 7

Компьютеры стали необходимыми в [молекулярной биологии](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9C%D0%BE%D0%BB%D0%B5%D0%BA%D1%83%D0%BB%D1%8F%D1%80%D0%BD%D0%B0%D1%8F_%D0%B1%D0%B8%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D0%B8%D1%8F), когда белковые последовательности стали доступны после того, как Фредерик Сэнгер определил последовательность инсулина в начале 1950х. Сравнение нескольких последовательностей вручную оказалось непрактичным.

Слайд 8-9

Пионером в этой области была Маргарет Окли Дэйхоф (Margaret Oakley Dayhoff). Дэвид Липман (директор Национального центра биотехнологической информации) назвал её "матерью и отцом биоинформатики". Дэйхоф составила одну из первых баз последовательностей белков, первоначально опубликовав в виде книг и стала первооткрывателем методов выравнивания последовательностей и молекулярной эволюции.

Слайд 10-15

Поскольку полные последовательности генома стали доступны, снова с новаторской работой Фредерика Сэнгер термин "биоинформатика" был переоткрыт и обозначал создание и техническое обслуживания баз данных для хранения биологической информации, такой как [последовательности нуклеотидов](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9D%D1%83%D0%BA%D0%BB%D0%B5%D0%BE%D1%82%D0%B8%D0%B4%D0%BD%D0%B0%D1%8F_%D0%BF%D0%BE%D1%81%D0%BB%D0%B5%D0%B4%D0%BE%D0%B2%D0%B0%D1%82%D0%B5%D0%BB%D1%8C%D0%BD%D0%BE%D1%81%D1%82%D1%8C) ( база данных GenBank в 1982). Создание таких баз данных включало в себя не только вопросы оформления, но и создание комплексного интерфейса, позволяющего исследователям запрашивать имеющиеся данные и добавлять новые. С публичной доступностью данных, инструменты для их обработки были быстро разработаны и описаны в таких журналах, как "Исследование Нуклеиновых Кислот", который опубликовал специализированные вопросы по инструментам биоинформатики уже в 1982 году.

Слайд 16

Главная цель биоинформатики — способствовать пониманию биологических процессов. Отличие биоинформатики от других подходов состоит в том, что она фокусируется на создании и применении интенсивных вычислительных методов для достижения этой цели. Примеры подобных методов: [распознавание образов](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A2%D0%B5%D0%BE%D1%80%D0%B8%D1%8F_%D1%80%D0%B0%D1%81%D0%BF%D0%BE%D0%B7%D0%BD%D0%B0%D0%B2%D0%B0%D0%BD%D0%B8%D1%8F_%D0%BE%D0%B1%D1%80%D0%B0%D0%B7%D0%BE%D0%B2), data mining, алгоритмы машинного обучения и визуализация биологических данных.

Слайд 17

Основные усилия исследователей направлены на решение задач нахождения генов (поиск региона ДНК, кодирующего гены), расшифровки генома, конструирования лекарств, разработки лекарств, выравнивания структуры белка, предсказания структуры белка, предсказания экспрессии генов и взаимодействий «белок-белок», полногеномного поиска ассоциаций и моделирования эволюции.

Биоинформатика сегодня подразумевает создание и совершенствование баз данных, алгоритмов, вычислительных и статистических методов и теории для решения практических и теоретических проблем, возникающих при управлении и анализе биологических данных.

Слайд 18

В биоинформатике используются методы прикладной математики, статистики и информатики. Биоинформатика используется в биохимии, биофизике, экологии и в других областях.

Слайд 19

Наиболее часто используемыми инструментами и технологиями в этой области являются языки программирования Java, C#, [Perl](https://ru.wikipedia.org/wiki/Perl),[C](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A1%D0%B8_(%D1%8F%D0%B7%D1%8B%D0%BA_%D0%BF%D1%80%D0%BE%D0%B3%D1%80%D0%B0%D0%BC%D0%BC%D0%B8%D1%80%D0%BE%D0%B2%D0%B0%D0%BD%D0%B8%D1%8F)), C++, Python, R; язык разметки -XML; базы данных - SQL; программно-аппаратная архитектура параллельных вычислений - CUDA; пакет прикладных программ для решения задач технических вычислений и одноимённый язык программирования, используемый в этом пакете -MATLAB, и электронные таблицы.

Слайд 20

В области генетики и геномики, биоинформатика помогает в упорядочивании и аннотировании геномов и наблюдаемых мутаций, занимается анализом нуклеотидных и белковых последовательностей.

В настоящее время разработаны эффективные экспериментальные методы определения нуклеотидных последовательностей. Определение нуклеотидных последовательностей стало рутинной хорошо автоматизированной процедурой. В результате рутинной хорошо автоматизированной процедуры уже получено огромное количество генетических текстов.

Так, в базе данных EMBL на 15.02.2007 г. хранится 87 000 493 документов с описанием нуклеотидных последовательностей, содержащих в целом 157545686001 символов (нуклеотидов), что соответствует примерно библиотеке в 105 толстых томов с убористым шрифтом. Найти нужный ген в EMBL, это все равно, что найти цитату в такой библиотеке. Без помощи компьютера сделать это , мягко говоря, очень трудно. А число данных экспоненциально растет.

Представим себе геном небольшой бактерии – это непрерывная строка длиной в 1-10 миллионов символов символов, и далеко не вся ДНК кодирует белки.

Первый тип биоинформатической задачи – это задачи поиска в нуклеотидных последовательностях особых участков, участков, кодирующих белки, участков, кодирующих РНК (например, тРНК), участков связывания с регуляторными белками и др. И это не всегда простые задачи, например, гены эукариотических организмов состоят из чередующихся «осмысленных» и «бессмысленных» фрагментов (экзонов и интронов), и расстояние между «осмысленными» фрагментами может достигать тысяч нуклеотидов.

Пусть ген найден. Что он кодирует? Зачем он нужен?

Если речь идет об участке ДНК, кодирующем белок, то с помощью весьма простой операции – трансляции с использованием известного генетического кода можно получить. аминокислотные (белковые) последовательности.

Из известных на сегодня 4 273 512 белков около 94% последовательностей - это именно такие гипотетические трансляты, и больше о них ничего не известно. Скорость поступления информации с автоматических секвенаторов превышает скорость нашего понимания ее смысла!

Слайд 21

В общем виде, она помогает анализировать и каталогизировать биологические объекты, пути и сети, которые являются важной частью системной биологии.

Но биологические объекты – это объекты, возникшие в процессе эволюции. Сравнительно-эволюционный подход – один из мощнейших подходов в биологии.

Например, функция белка из одного организма хорошо экспериментально изучена, в другом организме нашли белок с похожей аминокислотной последовательностью.

Можно предположить, что второй (неизвестный) белок выполняет ту же или схожую функцию. И здесь сразу возникает несколько вопросов. Во-первых, что значит похожая последовательность? Как сравнивать последовательности? При какой степени сходства последовательностей можно предполагать, что белки выполняют сходные функции?

Сравнение последовательностей (выравнивание) является важнейшей задачей биоинформатики. Программы Blastp и ClustalX – уже крупный успех биоинформатики. Но современные биоинформатики недовольны и постоянно

совершенствуют методы выравниваний.

Обработка гигантского количества данных, получаемых при секвенировании (определение генетической последовательности ДНК и РНК) , является одной из важнейших задач биоинформатики.

Слайд 22

C тех пор как в [1977 году](https://ru.wikipedia.org/wiki/1977_%D0%B3%D0%BE%D0%B4) был секвенирован фаг Phi-X174, последовательности ДНК всё большего числа организмов были дешифрованы и сохранены в базах данных. Эти данные используются для определения последовательностей [белков](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%91%D0%B5%D0%BB%D0%BE%D0%BA) и регуляторных участков. Сравнение генов в рамках одного или разных [видов](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%92%D0%B8%D0%B4_(%D0%B1%D0%B8%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D0%B8%D1%8F)) может продемонстрировать сходство функций белков или отношения между видами

Слайд 23

С возрастанием количества данных уже давно стало невозможным вручную анализировать последовательности. В наши дни для поиска по [геномам](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%93%D0%B5%D0%BD%D0%BE%D0%BC) тысяч организмов, состоящих из миллиардов пар нуклеотидов используются компьютерные программы. Программы могут однозначно сопоставить ([выровнять](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%92%D1%8B%D1%80%D0%B0%D0%B2%D0%BD%D0%B8%D0%B2%D0%B0%D0%BD%D0%B8%D0%B5_%D0%BF%D0%BE%D1%81%D0%BB%D0%B5%D0%B4%D0%BE%D0%B2%D0%B0%D1%82%D0%B5%D0%BB%D1%8C%D0%BD%D0%BE%D1%81%D1%82%D0%B5%D0%B9)) похожие последовательности ДНК в геномах разных видов; часто такие последовательности несут сходные функции, а различия возникают в результате мелких мутаций, таких как замены отдельных нуклеотидов, вставки нуклеотидов, и их «выпадения» (делеции). Один из вариантов такого выравнивания применяется при самом процессе секвенирования. Этот метод применяется для практически всех геномов, и алгоритмы сборки геномов являются одной из острейших проблем биоинформатики на сегодняшний момент.

Другим примером применения компьютерного анализа последовательностей является автоматический поиск генов и регуляторных последовательностей в геноме. Не все нуклеотиды в геноме используются для задания последовательностей белков. Например, в геномах высших организмов, большие сегменты ДНК явно не кодируют белки и их функциональная роль неизвестна. Разработка алгоритмов выявления кодирующих белки участков генома является важной задачей современной биоинформатики.

Слайд 24

Существует широкий спектр методов и инструментов для компьютерного анализа биологических данных. Здесь можно упомянуть и BLAST — наиболее популярный сервис для поиска похожих последовательностей в базах данных, и программы множественного выравнивания аминокислотных последовательностей, и программы предсказания вторичных структур РНК, программы визуализации пространственных структур, программы моделирования динамики пространственных структур и многое другое.

Большинство этих программ представлены в Интернете и имеют весьма удобный пользовательский интерфейс. Однако компьютер обладает одним свойством о котором нельзя забывать. На глупый вопрос компьютер всегда дает глупый ответ. Поэтому очень важно понимать границы применимости тех или иных методов.

Слайд 25

Любой компьютерный анализ биологических данных является экспериментом (только сделанным не в пробирке) и к нему предъявляются те же требования – важна четкость постановки и необходимы соответствующие контроли. Значительная часть биоинформатических работ сделана именно с применением уже существующих средств. Необходимо внимательно анализировать результаты работы уже готовых программ. При этом часто биоинформатический анализ предшествует постановке эксперимента. С другой стороны массовый (например, геномный) анализ требует использования простейших программ собственного исполнения (попробуйте глазами проанализировать 100 тыс. выравниваний).

Слайд 26

Стремительное развитие информационных технологий и биологии привело к широкому использованию совершенно новых практических подходов для решения проблем здравоохранения и сельского хозяйства, для разработки принципиально новых технологий и материалов в различных отраслях. Во всем мире ощущается недостаток в квалифицированных кадрах, способных плодотворно работать в области биоинженерии и биоинформатики, не является исключением и наша страна.

Созданный в 2002 году в МГУ факультет биоинженерии и биоинформатики готовит высококвалифицированные кадры для научно-исследовательских институтов и университетов, медицинских институтов и учреждений, промышленности (особенно фармацевтических и биотехнических производств).

Это специалисты, владеющие последними достижениями фундаментальной биологической науки и техники, способные целенаправленно изменять биологические объекты в соответствии с поставленными задачами.

В целях эффективной и оптимальной подготовки таких специалистов Министерством образования РФ утверждена новая образовательная специальность "биоинженерия и биоинформатика".

Комплексность и разносторонность полученного образования, а также навыки научно-исследовательской работы позволили выпускникам факультета найти применение полученным знаниям в самых различных областях.

Слайд 27

**Природа может помочь нам найти правильное техническое решение довольно сложных вопросов. Природа подобна огромному инженерному бюро, у которого всегда готов правильный выход из любой ситуации.**

Слайд 28

Рефлексия.

Достигли ли мы поставленных целей?

Знания по каким предметам пригодились в изучении темы?

Нужно ли устанавливать межпредметные связи между информатикой, биологией?

Нужна ли нам интеграция предметов?

слайд 28

**Литература:**

1. Доктор Карл Шукер. Удивительные способности животных. О. В.. Иванова, И. Г. Лебедев, перевод на русский язык, 2000. ООО “ТД Изд-во Мир книги”, 2006.
2. Ю.Г.Симвков. Живие приборы. М.: 1986.
3. Моделирование в биологии, пер. с англ., под ред. Н. А. Бернштейна, М., 1963.

**Источники информации в сети:**

1. [**www.ru.wikipedia.org**](http://www.ru.wikipedia.org/)
2. [**www.transhumanism-russia.ru**](http://www.transhumanism-russia.ru/)
3. [**www.kriorus.ru**](http://www.kriorus.ru/)
4. [**www.biomolecula.ru**](http://www.biomolecula.ru/)
5. [**www.proteome.ru**](http://www.proteome.ru/)
6. [**www.membrana.ru**](http://www.membrana.ru/)
7. [**www.popmech.ru**](http://www.popmech.ru/)
8. [**www.roboting.ru**](http://www.roboting.ru/)
9. [**www.elus1965.narod.ru**](http://www.elus1965.narod.ru/)
10. [**www.financepro.ru/mir-nanotekhnologijj.html**](http://www.financepro.ru/mir-nanotekhnologijj.html)
11. [**www.t-generation.ru**](http://www.t-generation.ru/)
12. [**www.cnews.ru**](http://www.cnews.ru/)
13. [**www.bio.fizteh.ru**](http://www.bio.fizteh.ru/)
14. [**www.nanonewsnet.ru**](http://www.nanonewsnet.ru/)
15. [**www.membrana.ru**](http://www.membrana.ru/)
16. [**www.computerra.ru**](http://www.computerra.ru/)
17. [**www.zoojournal.ru**](http://www.zoojournal.ru/)
18. [**www.imb.ac.ru/**](http://www.imb.ac.ru/)
19. [**www.transhumanism-russia.ru**](http://www.transhumanism-russia.ru/)
20. [**www.transhuman.ru**](http://www.transhuman.ru/)
21. [**www.bionic-life.com**](http://www.bionic-life.com/)
22. **Презентация С.А.Спирин 7, 8,10 февраля 2006 г., ФББ МГУ**