

**Дисципліна: «СИСТЕМНА БІОЛОГІЯ»**

**ДВА.3.01.11**

**Спеціальність 091 «Біологія»**

**ВИКЛАДАЧ:**

Оболенська М.Ю. доктор біологічних наук, професор, e-mail: [m.obolenska@gmail.com](mailto:m.obolenska@gmail.com)

**ЗАГАЛЬНЕ НАВАНТАЖЕННЯ: 3 ECTS**

Загальний обсяг вивчення – 90 годин, у тому числі:

- Заняття в аудиторії: 30 годин (12 годин лекцій, 10 годин семінарів, 6 годин модульні контрольні роботи, 2 години консультація)
- Самостійна робота: 60 годин

Підсумковий контроль дисципліни – іспит

### **АНОТАЦІЯ**

Системна біологія є сучасним мультидисциплінарним напрямком науки, який використовує знання з молекулярної і клітинної біології, математики, інформатики і використовує сучасні високопродуктивні технології.

В курсі розглядаються основні засади системної біології, властивості біологічних систем; методичні підходи, які використовуються в системній біології; принципи роботи з біологічними послідовностями; широкомасштабний аналіз геномів, транскриптомів, протеомів і інших «омік»; принципи моделювання біологічних систем

### **МЕТА І ЗАВДАННЯ КУРСУ:**

*Мета курсу* – дати знання про системну біологію як сучасний «молодий» напрямок в біологічних науках і підготувати аспіранта до системного мислення і розв'язання проблем, якими він/вона займатимуться

### **РЕЗУЛЬТАТИ НАВЧАННЯ, МЕТОДИ ВИКЛАДАННЯ І ФОРМИ ОЦІНЮВАННЯ**

<b>Результати навчання</b>	<b>Методи викладання і навчання</b>	<b>Форми оцінювання</b>
Творче використання у навчальній, дослідницькій і викладацькій діяльності знань щодо користування базами даних, де у вільному доступі знаходяться численні результати, отримані за допомогою високопродуктивних технологій	Лекції і семінарські заняття	<b>Модульна контрольна робота №1, Індивідуальне завдання</b>
Вміння звертатися і використовувати дані, які знаходяться в базах даних з відкритим доступом а рамках	Лекції і семінарські заняття	<b>Модульна контрольна робота №2 Індивідуальне</b>

власного проекту		<b>завдання</b>
Досвід у роботі з біологічними послідовностями	Лекції і семінарські заняття	<b>Модульна контрольна робота №3</b> <b>Індивідуальне завдання</b>

### ЗМІСТ КУРСУ

Дисципліна «Системна біологія» є складовою фундаментальної підготовки фахівців освітньо-наукового рівня «доктор філософії» за спеціальністю 091 «Біологія». Дисципліна відповідає навчальному плану підготовки докторів філософії у Інституті молекулярної біології і генетики НАН України.

Системна біологія є міждисциплінарною наукою про життя. Спрямована на вивчення складних взаємодій в живих системах. Використовує новий підхід в біології: холізм замість редукціонізму. Основна увага в системній біології приділяється емерджентним властивостям, тобто властивостями біологічних систем, які неможливо пояснити тільки з точки зору властивостей їх компонентів. Таким чином завданнями системної біології є дослідження та моделювання властивостей складних біологічних систем, які не можна пояснити сумою властивостей її складових. Курс включає три змістовні модулі.

### Тематичний план

№	Назва лекції	Кількість годин			
		лекц ії	семі нари	лабор аторні	СР
<b>ЗМ1: Основні засади системної біології і методичні підходи (1 кредит)</b>					
1	<u>Основні засади системної біології</u> Предмет і завдання системної біології, Властивості біологічних систем: складність, модульність і ієрархічність організації; сталість (стійкість до збурень); нововластивість (наявність нових властивостей, не притаманних складовим елементам системи)ю Основні методичні підходи в системній біології: широкомасштабні дослідження геному, транскриптому, протеому і інших омів із застосуванням високопродуктивних технологій; залучення математичних методів для роботи з даними; інтеграція даних; insilico моделювання; генерація гіпотез, їх експериментальна перевірка та удосконалення. Широкомасштабні проекти (ENCODE, RoadMapEpigenomics, ModENCODE і т.п.)	2			10

2	<u>Аналіз біологічних даних, Основи програмування. Статистичні методи аналізу і візуалізації біологічних даних, отриманих високопродуктивними технологіями. Програмування в системах R і Python.</u>	2	4		10
<b>ЗМ2: Секвенування геному і транскриптому (1 кредит)</b>					
3	<u>Секвенування нуклеотидних послідовностей наступного покоління (NGS). Технологія секвенування, збірка та анотація геномів і транскриптомів. Альтернативний сплайсинг. Однонуклеотидний поліморфізм (SNP). Варіація кількості копій фрагментів геному (CNV)</u>	2			10
4	<u>Профіль генної експресії. Технологія мікромасив-експериментів, приклади даних, програмні засоби аналізу, диференційно експресовані гени і пошук функціонально збагачених множин генів.</u>	2	4		10
<b>ЗМ3: Протеоміка, метаболоміка і реконструкція біологічних процесів (1 кредит)</b>					
5	<u>Протеом і метаболом. Методичні підходи для аналізу протеому і метаболому. Принципи мас-спектрометрії. Ідентифікація білків і метаболітів. З'ясування метаболічних потоків в клітині.</u>	2	4		10
6	<u>Реконструкція біологічних процесів. Регуляція експресії генів. Сайти зв'язування транскрипційних факторів та їх пошук. Транскрипція і транскриптом, мережі генної регуляції (булеві та баєсові мережі, теорія інформації). Метаболічні мережі, кінетичні та стехіометричні рівняння (підбір невідомих параметрів).</u>	2	4		10
<b>ВСЬОГО</b>		<b>12</b>	<b>16</b>		<b>60</b>

### УМОВИ ВИЗНАЧЕННЯ НАВЧАЛЬНОГО РЕЙТИНГУ

Контроль знань здобувачів здійснюється за модульно-рейтинговою системою. Підсумкова оцінка розраховується за **накопичувальною системою**. При цьому максимальна кількість балів встановлюється наступним чином:

Курс	модуль 1	модуль 2	модуль 3	іспит	Підсумкова оцінка за повний курс
Максимальна кількість балів	25	25	25	25	100

Остаточна підсумкова оцінка враховує оцінки за кожний модуль.

Протягом курсу заплановані контрольні та самостійні роботи до кожного модуля:  
за контрольну роботу здобувач може отримати максимум 20 балів;  
за самостійне завдання в першому модулі – максимум 5 балів;  
за кожен змістовний модуль – максимум 25 балів.

### ВИМОГИ І КРИТЕРІЇ ОЦІНЮВАННЯ

Оцінювання успішності здобувача за кожним із запланованих видів робіт здійснюється у відповідності до таких критеріїв:

Вид роботи	Кількість балів за один вид робіт	Критерії оцінювання
Індивідуальна доповідь з презентацією	5	Доповідь добре структурована, логічна й послідовна. Автор демонструє володіння матеріалом і здатність відповісти на запитання аудиторії.
	4-3	Доповідь містить незначні помилки й неточності, доповідач в цілому задовільно відповідає на запитання аудиторії.
	1-2	Доповідь містить значні помилки та прогалини. Доповідач не виявляє належної підготовки і не готовий відповідати на змістовні запитання.
Модульна контрольна робота (письмова)	18-20	Роботу виконано вчасно, якісно оформлено. Автор виявляє високий рівень знань і розуміння теми, аналітичні здібності, відповідає на запитання правильно, логічно й послідовно.
	14-17	Роботу виконано вчасно, якісно оформлено. Наявні тільки незначні помилки чи неточності у відповідях на запитання. Автор виявляє достатню обізнаність і розуміння матеріалу.
	10-13	Роботу виконано вчасно, та оформлено з помилками. Автор демонструє посередню обізнаність і розуміння матеріалу, допускає певну кількість грубих помилок.
	5-9	Завдання не виконане вчасно або якість його оформлення незадовільна. Автор виявляє погану обізнаність і розуміння матеріалу, допускає велику кількість грубих помилок. Відповіді неповні, або взагалі відсутні на деякі запитання.

### Порядок перерахунку рейтингових показників нормованої 100-бальної шкали оцінювання в національну шкалу та шкалу ECTS

За 100-бальною шкалою	За національною шкалою		За шкалою ECTS
	Іспит	Залік	

91 – 100	відмінно	зараховано	<b>A</b> (відмінно)
81 – 90	добре		<b>B</b> (дуже добре)
71 – 80			<b>C</b> (добре)
66 – 70			<b>D</b> (задовільно)
60 – 65	задовільно		<b>E</b> (достатньо)
40 – 59	незадовільно	не зараховано	<b>FX</b> (незадовільно – з можливістю повторного складання)
1 – 39			<b>F</b> (неприйнятно – з обов’язковим повторним курсом)

*Якщо за результатами модульно-рейтингового контролю здобувач отримав сумарну оцінку за три змістовні модулі, яка менша за 40 балів, то він/вона не допускається до екзамену і вважається таким, що не виконав усі види робіт, які передбачаються навчальним планом.*

### ПОЛІТИКА ДОБРОЧЕСНОСТІ

Виконання навчальних завдань і робота в курсі має відповідати вимогам «Кодексу академічної доброчесності ІМБГ НАНУ», затвердженого Вченою радою ІМБГ НАН України 10 вересня 2019 року, [http://imbg.org.ua/docs/education/IMBG\\_academic\\_integrity\\_code.pdf](http://imbg.org.ua/docs/education/IMBG_academic_integrity_code.pdf)

### РЕКОМЕНДОВАНІ ДЖЕРЕЛА

Alina Frolova, Vladyslav Bondarenko, Maria Obolenska Comparing alternative pipelines for cross-platform microarray gene expression data integration with RNA-seq data in breast cancer doi: <http://dx.doi.org/10.1101/059600> <http://biorxiv.org/content/early/2016/06/18/059600>

An Introduction to Next-Generation Sequencing Technology - Illumina  
[https://www.google.com.ua/search?q=sequencing&ie=utf-8&oe=utf-8&gws\\_rd=cr&ei=LbfbV-qFIuXt6ASh2pOICg#q=next+generation+sequencing](https://www.google.com.ua/search?q=sequencing&ie=utf-8&oe=utf-8&gws_rd=cr&ei=LbfbV-qFIuXt6ASh2pOICg#q=next+generation+sequencing)

Andrew P. Beckerman, Owen L. Petchey. Getting Started with R: An Introduction for Biologist

Bioconductor - Open Source Software for Bioinformatics. <https://www.bioconductor.org/>

Cordero P<sup>1</sup>, Ashley EA. Whole-genome sequencing in personalized therapeutics. Clin Pharmacol Ther. 2012; 91(6):1001-9. doi: 10.1038/clpt.2012.51.

Darren J. Burgess A space for transcriptomics Nature Reviews Genetics 17, 436–437 (2016)  
doi:10.1038/nrg.2016.94



Darren J. Burgess Enabling accurate single-cell genome amplification *Nature Reviews Genetics* 17, 503 (2016) doi:10.1038/nrg.2016.109

Helmut van Emden *Statistics for Terrified Biologists*. ISBN: 978-1-4051-4956-3; 360 pages; April 2008, ©2008, Wiley-Blackwell

<https://drive.google.com/file/d/0B6LZ95ZTPtaOZWJGWXp5Y11RLWs/view>

<https://www.coursera.org/specializations/python>

Huang S. Back to the biology in systems biology: what can we learn from biomolecular networks? *Brief Funct Genomic Proteomic*. 2004 ;2(4):279-97.

Joris Robert Vermeesch, Thierry Voet & Koenraad Devriendt Prenatal and pre-implantation genetic diagnosis *Nature Reviews Genetics* 17, 643–656 (2016) doi:10.1038/nrg.2016.97

Li, C., Donizelli, M., Rodriguez, N., Dharuri, H., Endler, L., Chelliah, V., Laibe, C. (2010). *BioModels Database: An enhanced, curated and annotated resource for published quantitative kinetic models*. *BMC Systems Biology*, 4, 92.

M. Madan Babu Chapter 11 An Introduction to Microarray Data Analysis <http://www.mrc-lmb.cam.ac.uk/genomes/madanm/microarray/chapter-final.pdf>  
Python: <http://pythonforbiologists.com/index.php/introduction-to-python-for-biologists/>

Sander JD, Joung JK. CRISPR-Cas systems for genome editing, regulation and targeting. *Nat Biotechnol*. 2014; 32(4): 347–355. doi:10.1038/nbt.2842.

Statistics: <http://www.nature.com/collections/qghhqm>

Success Stories in Systems Biology <http://project.isbe.eu/systems-biology/case-studies/>

Web-sites: <https://www.r-bloggers.com/> ; <http://stackoverflow.com/>; <https://www.coursera.org/>

Wolkenhauer O<sup>1</sup>. Why model? *Front Physiol*. 2014; 5:21. doi: 10.3389/fphys.2014.00021. eCollection 2014.

Zamboni, N. (2011). <sup>13</sup>C metabolic flux analysis in complex systems. *Current Opinion in Biotechnology*, 22(1), 103–8. <http://doi.org/10.1016/j.copbio.2010.08.009>

Лебедев, А. Т. (2003). Масс-спектрометрия в органической химии. (П. Б. Терентьев, Ed.). Москва: БИНОМ. Лаборатория знаний.

Порубльова ЛВ., Ребриєв АВ., Громовой ТЮ, Міня ІЙ. Оболенська МЮ. Maldi-tof мас-спектрометрія у дослідженні високомолекулярних біологічних сполук *Укр. біохім. журн.*, 2009, 81(3): 46 – 56.