

ĐỀ CƯƠNG CHI TIẾT HỌC PHẦN

1. Tên học phần: Tin sinh học trong nghiên cứu di truyền (Bioinformatics for genetics)

- Mã số học phần: NNG606

- Số tín chỉ học phần: 02 tín chỉ

- Số tiết học phần: 15 tiết lý thuyết, 30 tiết thực hành.

2. Đơn vị phụ trách học phần:

Khoa/Viện/Trung tâm/Bộ môn: Khoa Nông nghiệp/Bộ môn Di truyền & Chọn giống Cây trồng

3. Điều kiện tiên quyết:

- Điều kiện tiên quyết: Không

- Điều kiện song hành: Không

4. Mục tiêu của học phần:

Mục tiêu	Nội dung mục tiêu	CĐR CTĐT
4.1	- Hiểu các khái niệm và nguyên lý cơ bản của tin sinh học. Nâng cao hệ thống kiến thức và phạm vi ứng dụng của cơ sở dữ liệu NCBI, cơ sở dữ liệu protein và một số chương trình phân tích trình tự gen. - Vận dụng dữ liệu tin sinh học vào các cơ chế sinh lý của cây trồng, và ứng dụng trong chọn giống cây trồng.	6.1.3.b; 6.1.3.c
4.2	- Phân tích, tổng hợp, đánh giá dữ liệu và thông tin từ các cơ sở dữ liệu NCBI, protein, để từ đó có thể vận dụng vào việc giải quyết một chuyên đề, hay một tình huống cụ thể, như phân tích so sánh các trình tự gene, protein và xây dựng được cây phát sinh chủng loài, mối tương quan di truyền giữa các giống cây trồng. - Phân tích các cơ sở dữ liệu và đưa ra các chương trình chọn tạo giống dựa trên các thông tin từ dữ liệu	6.2.1.b
4.3	- Sử dụng thành thạo các phần mềm phân tích tin sinh học, Kỹ năng thực hành trên cơ sở dữ liệu (NCBI) và một số phần mềm cơ bản như: ClustalX/W, BLAST, MEGA, Galaxy, Mapman, IGB etc...	6.2.2.a
4.4	- Đưa ra những sáng kiến quan trọng trong việc áp dụng các công cụ tin – sinh học trong nghiên cứu và thực tế sản xuất, cải tiến các hoạt động chuyên môn.	6.3.c

5. Chuẩn đầu ra của học phần:

CDR HP	Nội dung chuẩn đầu ra	Mục tiêu	CDR CTĐT
	Kiến thức		
CO1	- Đánh giá được đa dạng kiểu hình, đa dạng kiểu gen của thực vật, chỉ số ổn định, chỉ số thích nghi của giống cây trồng.	4.1	6.1.3b;
CO2	- Ứng dụng được kỹ thuật di truyền phân tử, tin sinh học trong nghiên cứu di truyền và chọn tạo giống cây trồng.	4.1	6.1.3.c; ...
	Kỹ năng		
CO3	- Thành thạo các phương pháp phân tích về lĩnh vực di truyền và chọn giống cây trồng.	4.2	6.2.1.b
CO4	- Thành thạo các phần mềm xử lý thông kê sinh học, tin sinh học trong nghiên cứu di truyền	4.3	6.2.2a;..
	Thái độ/Mức độ tự chủ và trách nhiệm		
CO5	- Thể hiện là một người tự tin, năng động trong công việc.	4.4	6.3.c

6. Mô tả tóm tắt nội dung học phần:

Trang bị cho học viên các khái niệm và nguyên lý cơ bản của Tin sinh học. Môn học ngoài việc củng cố và nâng cao một số kiến thức và kỹ thuật của tin sinh học trong phân tích trình tự gene bao gồm chương trình Clustal, BLAST, MEGA và cập nhật thêm một số kiến thức và kỹ thuật mới trong phân tích trình tự gene như hệ phiên mã (transcriptome), bộ gen (genome) bằng phần mềm Galaxy, Mapman, IGB. Việc phân tích hệ phiên mã, học viên có thể hiểu được các chu trình sinh hóa liên quan đến các hệ phiên mã, từ những kiến thức đó cung cấp cho học viên cơ sở khoa học trong việc nghiên cứu về cây trồng hay công tác chọn giống cây trồng. Bên cạnh đó, học viên còn được trang bị kiến thức làm việc nhóm, đưa ra các ý kiến thảo luận, xây dựng một chương trình chọn tạo giống cây trồng.

7. Cấu trúc nội dung học phần:

7.1. Lý thuyết

	Nội dung	Số tiết	Mục tiêu
Chương 1.	Đại cương về tin sinh học	5	
1.1.	Các khái niệm cơ bản	3	4.1; 4.2; 4.3
1.2.	Các cơ sở dữ liệu tiêu biểu	2	
1.3.	Cách khai thác và sử dụng các cơ sở dữ liệu		
1.4.	Phương pháp đo tìm gen	2	
1.5.	Phương pháp so sánh các trình tự DNA		
Chương 2.	Phân tích hệ phiên mã (transcriptome) từ kết quả giải trình tự thế hệ mới (RNA-seq)	5	
2.1.	Các bước xử lý dữ liệu RNA-seq dùng công cụ Galaxy	2	4.1; 4.2; 4.3
2.2.	Nhận dạng các genes biểu hiện khác nhau giữa các điều kiện thí nghiệm		

2.3	Các chức năng sinh học ảnh hưởng lên sự biểu hiện khác nhau của các genes	3	
2.4	Đánh giá các genes biểu hiện khác nhau dùng Mapman		
Chương 3.	Ứng dụng tin sinh học trong phân tích phát sinh loài và quan hệ di truyền	5	4.1; 4.2; 4.3
3.1.	Một số khái niệm		
3.2.	Sắp xếp thẳng hàng trình tự		
3.2.1.	Sắp xếp thẳng hàng trình tự đôi và đa trình trình		
3.2.2.	Một số phương pháp sắp xếp thẳng hàng đa trình tự phổ biến: - Clustal - Omega - T-Coffee - Muscle - MAFFT		
3.3.	Phân tích cây phát sinh loài		
3.3.1.	Thuật ngữ, thành phần và phân loại cây phát sinh loài		
3.3.2.	Khoảng cách di truyền		
3.3.3.	Một số phương pháp xây dựng cây phát sinh loài phổ biến - Neighbor-joining - Maximum parsimony - Maximum likelihood - Bayesian statistics		

7.2. Thực hành

	Nội dung	Số tiết	Mục tiêu
Bài 1.	Dò tìm các gen trên cơ sở dữ liệu	10	
1.1.	Tim gen <i>OsBADH2</i> từ trên bộ gen cây lúa từ cơ sở dữ liệu NCBI và MSU 7.	5	4.2; 4.3; 4.4
1.2.	Phân tích những thông tin về cấu trúc và chức năng của gen <i>OsBADH2</i> , viết báo cáo về những hiểu biết về thông tin thu thập được	5	4.1; 4.2; 4.3; 4.4
Bài 2.	Phân tích hệ phiên mã (transcriptome) từ kết quả giải trình tự trên lúa được xử lý mặn		
2.1.	Dùng phần mềm Galaxy để xử lý hệ phiên mã	5	4.1; 4.2; 4.3;
2.2.	Nhận dạng các gen biểu hiện và chức năng sinh học của chúng	5	4.4
2.3.	Đánh giá sự biểu hiện các gen bằng phần mềm Mapman	5	
Bài 3.	Phân tích phát sinh loài và quan hệ di truyền bằng phần mềm R	10	
3.1.	Giới thiệu và cài đặt phần mềm R và RStudio	2	4.1; 4.2; 4.3;
3.2.	Dò tìm và so sánh trình tự	2	4.4
3.3.	Sắp xếp trình tự thẳng hàng	2	

3.4.	Tính toán khoảng cách di truyền	2	
3.5.	Lập cây phát sinh loài và phân tích quan hệ di truyền	2	

8. Phương pháp giảng dạy:

- Giảng viên phụ trách môn học trình bày từng Chương, đưa ra ví dụ cụ thể cho từng vấn đề trao đổi với học viên
- Sau mỗi bài giảng học viên được thực hành trực tiếp nội dung đã được học, sau đó trình bày nội dung học được và thảo luận với giảng viên và nhóm.

9. Nhiệm vụ của học viên:

- Học viên phải thực hiện các nhiệm vụ như sau:
 - Tham dự tối thiểu 80% số tiết học lý thuyết.
 - Tham gia đầy đủ 100% giờ thực hành/thí nghiệm/thực tập và có báo cáo kết quả.
 - Thực hiện đầy đủ các bài tập nhóm/bài tập và được đánh giá kết quả thực hiện.
 - Tham dự kiểm tra giữa học kỳ.
 - Tham dự thi kết thúc học phần.
 - Chủ động tổ chức thực hiện giờ tự học.

10. Đánh giá kết quả học tập của học viên:

10.1. Cách đánh giá

Học viên được đánh giá tích lũy học phần như sau:

TT	Điểm thành phần	Quy định	Trọng số	CDR HP
1	Điểm chuyên cần	Số tiết tham dự học/tổng số tiết	10%	CO1; CO2..
2	Điểm bài tập	Số bài tập đã làm/số bài tập được giao	40%	CO3
3	Điểm thi kết thúc học phần	- Thi viết/trắc nghiệm (60 phút) - Tham dự đủ 80% tiết lý thuyết và 100% giờ thực hành - Bắt buộc dự thi	50%	...

10.2. Cách tính điểm

- Điểm đánh giá thành phần và điểm thi kết thúc học phần được chấm theo thang điểm 10 (từ 0 đến 10), làm tròn đến một chữ số thập phân.
- Điểm học phần là tổng điểm của tất cả các điểm đánh giá thành phần của học phần nhân với trọng số tương ứng. Điểm học phần theo thang điểm 10 làm tròn đến một chữ số thập phân, sau đó được quy đổi sang điểm chữ và điểm số theo thang điểm 4 theo quy định về công tác học vụ của Trường.

11. Tài liệu học tập:

Thông tin về tài liệu

Số đăng ký cá biệt

[1] Mount, W.D. 2001. Bioinformatics: Sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press

[2] Lesk, A.M. 2008. Introduction to Bioinformatics. New York: Oxford University Press

572.80285/L622

[3] Claverie, J.M. 2007. Bioinformatic for Dummies. Hoboken: Wiley Pub,

572.80285/C617

[4] Nguyễn Văn Tuấn. 2019. Phân tích dữ liệu với R. NXB Tổng Hợp TPHCM.

[5] Afgan, E., Baker, D., Batut, B., van den Beek, M., et al.. The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2018 update, *Nucleic Acids Research*, Volume 46, Issue W1, 2 July 2018, Pages W537–W544, doi:10.1093/nar/gky379

[6] Usadel B, Poree F, Nagel A, Lohse M, Czedik-Eysenberg A, Stitt M (2009) A guide to using MapMan to visualize and compare Omics data in plants: a case study in the crop species, Maize. *Plant Cell Environment*, 32: 1211-1229

12. Hướng dẫn học viên tự học:

Tuần	Nội dung	Lý thuyết (tiết)	Thực hành (tiết)	Nhiệm vụ của học viên
1	Chương 1: Đại cương về Tin sinh học 1.1 các khái niệm cơ 1.2 các cơ sở dữ liệu tiêu biểu. 1.3 Cách khai thác các cơ sở dữ liệu	3	5	- Nghiên cứu trước: + Tài liệu [1]: chương 1 và 2 + Tài liệu [2]: chương 1, 2 và 3 + Tài liệu [3]: chương 2, 3 và 4
2	Chương 1: Đại cương về Tin sinh học 1.4. Phương pháp đo tìm gen 1.5 Phương pháp so sánh các trình tự DNA.	2	5	+ Tài liệu [1]: chương 1 và 2 + Tài liệu [2]: chương 1, 2 và 3 + Tài liệu [3]: chương 2, 3 và 4
3	Chương 2: Nhận dạng các genes biểu hiện khác nhau giữa các điều kiện thí nghiệm 2.1 Các bước xử lý dữ liệu RNA-seq dùng công cụ Galaxy. 2.2. Nhận dạng các genes biểu hiện khác nhau giữa các điều kiện thí nghiệm	2	5	- Nghiên cứu trước: + tài liệu [1]: chương 4 + tài liệu [2]: chương 4 + tài liệu [3]: chương 5 và 6 + tài liệu [5]: tham khảo bài báo và thực hành theo maunual trên giao diện online
4	Chương 2: Nhận dạng các genes biểu hiện khác nhau giữa các điều kiện thí nghiệm	2	5	- Nghiên cứu trước: + tài liệu [5]: tham khảo bài báo và thực hành theo maunual trên giao diện online

	2.3 Các chức năng sinh học ảnh hưởng lên sự biểu hiện khác nhau của các genes. 2.4. Đánh giá các genes biểu hiện khác nhau dùng Mapman			+ tài liệu [6]: tham khảo bài báo và thực hành theo manual trên giao diện online dựa vào cơ sở dữ liệu có sẵn
5	Chương 3. Phân tích phát sinh loài và quan hệ di truyền bằng phần mềm R 3.1 Giới thiệu và cài đặt phần mềm R và Rstudio 3.2 Phân tích cây phát sinh loài	2	5	- Nghiên cứu trước: + tài liệu [3]: chương 6, 7 + tài liệu [4]: tìm hiểu về cách sử dụng R, viết code vẽ cây phả hệ
	Chương 3. Phân tích phát sinh loài và quan hệ di truyền bằng phần mềm R 3.3 Thuật ngữ, thành phần và phân loại cây phát sinh loài. 3.4 Khoảng cách di truyền 3.5 Một số phương pháp xây dựng cây phát sinh loài phổ biến	3	5	- Nghiên cứu trước: + tài liệu [3]: chương 6, 7 + tài liệu [4]: tìm hiểu về cách sử dụng R, viết code vẽ cây phả hệ

Cần Thơ, ngày 20 tháng 10 năm 2020

TL. HIỆU TRƯỞNG *quê*
TRƯỜNG KHOA/VIỆN TRƯỞNG

GIẢNG VIÊN BIÊN SOẠN



Lê Văn Vàng

Huỳnh Kỳ