Вінницький національний технічний університет
Кафедра біомедичної інженерії
Факультет інфокомунікацій, радіоелектроніки та наносистем

ІНФОРМАЦІЙНІ ТЕХНОЛОГІЇ В БІОМЕДИЧНІЙ ІНЖЕНЕРІЇ

(обов'язковий освітній компонент)
ІІІ (освітньо-науковий) рівень вищої освіти

Освітньо-наукова програма **Біомедична інженерія**
Спеціальність **163 Біомедична інженерія**
Викладач: **Павлов С. В.**, д. т. н., професор
Штофель Д. Х., к. т. н., доцент
Мови викладання: **українська**
Семестри – **3, 4**
Кредитів ЄКТС – **6** (3 сем. – 3 кредити, 4 сем. – 3 кредити)
Лекцій – **64 год.** (3 сем. – 32 год., 4 сем. – 32 год.)
Практичних – **32 год.** (3 сем. – 16 год., 4 сем. – 16 год.)
Самостійна робота – **84 год.** (3 сем. – 42 год., 4 сем. – 42 год.)
Вид контролю – **диференційний залік** (у кожному семестрі)

Передумови для вивчення: знання та навички набуті під час вивчення дисципліни «Математичне моделювання в наукових дослідженнях».

Мета курсу
Полягає у поглибленному вивченні сучасних інформаційних технологій, що застосовуються або можуть бути застосовані для вирішення фундаментальних та прикладних задач біології та медицини, набуття аспірантами навичок використання і створення комп'ютерних технологій в медицині.

Компетентності
ЗК3. Здатність розробляти проєкти та управляти ними.
ФК3. Здатність застосовувати сучасні інформаційні технології, бази даних та інші електронні ресурси, спеціалізоване програмне забезпечення у науковій та навчальній діяльності.
ФК8. Здатність забезпечувати розроблення та технічний супровід систем психофізіологічної діагностики, біометричної ідентифікації та оцінювання стану людини в нормальних і екстремальних умовах.
Інтегральна компетентність. Здатність розв'язувати комплексні проблеми в галузі професійної та/або дослідницько-інноваційної діяльності у сфері біомедичної інженерії, що перед-бачає глибоке переосмислення наявних та створення нових цілісних знань та/або професійної практики.

Результати навчання

ПРН1. Формулювати і перевіряти гіпотези; використовувати для обґрунтування висновків належні докази, зокрема, результати теоретичного аналізу, експериментальних досліджень (опитувань, спостережень) і математичного та/або комп'ютерного моделювання, наявні літературні дані.

ПРН2. Розробляти та досліджувати концептуальні, математичні і комп'ютерні моделі процесів, систем, об'єктів та явищ, ефективно використовувати їх для отримання нових знань та/або створення інноваційних продуктів у біомедичній інженерії та дотичних міждисциплінарних напрямах.

ПРН4. Застосовувати сучасні інструменти і технології пошуку, оброблення та аналізу інформації, зокрема, статистичні методи аналізу даних великого обсягу та/або складної структури, спеціалізовані бази даних та інформаційні системи.

ПРН9. Викладати дисципліни професійного спрямування у закладах вищої освіти, вміти застосовувати сучасні педагогічні та інформаційні технології для забезпечення освітнього процесу.

ТЕМАТИКА КУРСУ

Семестр 3

Змістовий модуль 1. П поняття та алгоритми біоінформатики

Тема 1. Зміст біоінформатики

Що включає в себе біоінформатика? Задачі і методи біоінформатики. Біоінформаційні ресурси. Автоматизація та алгоритмізація. Можливості біоінформатики. Програмування на службі біології та медицини.

Тема 2. Пошук місця старту реплікації ДНК.

Яку інформацію можна отримати із послідовності нуклеотидів ДНК? Приховані повідомлення і повторювані відрізки. Скільки змін може бути у повідомленні, щоб воно залишилось зрозумілим? Проблема часто повторюваних слів. Як відбувається процес реплікації ДНК? Чи всі приховані повідомлення ДНК знайдені? Пошук місця старту реплікації.

Тема 3. Ідентифікація нуклеотидних мотивів.

Біологічні годинники та гени, які їх визначають. Поняття мотиву у нуклеотидній послідовності. Ставимо оцінку мотивам. Пошук мотивів та усереднений рядок. Жадібний алгоритм пошуку мотивів. Неочікувані прооблеми при визначенні мотивів. Рандомізований пошук мотиву. Чи справді все так просто? Вибір за алгоритмом Гіббса. Що робити, коли всі мотиви занйдено?

Тема 4. Збирання генома

Алгоритми відновлення втраченої структури. Задача відновлення тексту. Графи для задач відновлення текстових рядків. Графи, що накладаються, проти

графів де Брюйна. Дайте слово Ейлеру (задача Кенігсберзьких мостів)! Збирання геному з пар прочитань. Секвенування геному і роль інформатики у цьому процесі.

Тема 5. Створення антибіотиків

Що таке антибіотики? Звідки вони беруться? Відкриття і розвиток антибіотикотерапії. Небезпеки і виклики. Передача інформації у клітині. Відхилення від Центральної догми молекулярної біології. Фрагментація і секвенування антибіотиків (мас-спектрометрія). Алгоритм пошуку грубою силою Алгоритм гілок і меж. У вас якийсь неправильний спектр! Скільки-скільки амінокислот? Спектральна згортка.

Змістовий модуль 2. Великі дані в біології.

Тема 6. Технології аналізу даних

Порівняння біологічних даних у вигляді послідовностей. Вирівнювання ДНК. Вирівнювання білків. Ламаємо код. Як оцінити подібність? Задача туриста у Мангеттені. Що таке динамічне програмування? Розміняйте 18 гривень! Від мангеттенського графа до довільного спрямованого ациклічного графа. Зворотне відстеження у графіку вирівнювання. Бали і штрафи. Зміни налаштувань. Досягаємо висот ефективності. А якщо взяти більше двох послідовностей?

Тема 7. Ресурси для порівняння біологічних масивів даних.

Протеоміка. Бази даних Національного центру біотехнологічної інформації (NCBI). Формати FASTA і PDB. Порівняння первинної структури білків. Матриці замін амінокислотних залишків. Рахунок вирівнювання. Засіб для вирівнювання та порівняння білкових послідовностей від Європейського інституту біоінформатики EBI. Парне і множинне вирівнювання. Методи біоінформатики в філогенетичних дослідженнях. Пошук і аналіз гомологічних послідовностей. Технологія пошуку BLAST (засоби пошуку основного локального вирівнювання).

Тема 8. Інформаційні технології для молекулярного моделювання.

Пошук структур і файли PDB. Просторові структури молекул білків. Способи відображення біологічних молекул. Засоби візуалізації просторових структур. Технологія візуалізації JSmol. Формат задавання молекул SMILES. Програма візуалізації «Discovery Studio Viewer Pro». Аналіз структурних особливостей білкових молекул. Структурна організація білків. Карти Рамачандрана. Закономірності формування третинної структури білків. Визначення функціональних ділянок. Консервативні та варіабельні ділянки білка. Паттерни гідропатичності. Передбачення просторової структури білка.

Тема 9. Аналіз нуклеїнових кислот.

Геноміка. Пошук нуклеотидних послідовностей. Бази даних геномів. Пошук рамки зчитування у ДНК. Відкрита рамка зчитування – інформативна

ділянка ДНК. Критерії пошуку генів. Відтворення структури білка на основі нуклеотидної послідовності. Структура транспортної РНК. Передбачення вторинної структури РНК. Лабораторні методи одержання ДНК. Виділення ДНК. Методи секвенування і аналізу нуклеотидних послідовностей.

Тема 10. Молекулярний дизайн. Докінг моделей.

Створення лікарських засобів цілеспрямованої дії. Дослідження структури і фізико-хімічних властивостей нових речовин in silico. Пошук функціонального центра молекули білка. Пошук за допомогою технології BLAST. Пошук шляхом множинного вирівнювання. Аналіз міжмолекулярних взаємодій в комплексі білка з лігандом. Виявлення амінокислотних послідовностей, які відповідають за взаємодію. Проектування молекулярних структур. Молекулярний дизайн і докінг. Засоби для моделювання взаємодії проектованої молекули та досліджуваного білка.

Семестр 4

Змістовий модуль 3. Медичні інформаційні технології

Тема 11. Медичні зображення

Отримання медичних зображень. Оцифрування. Архівування. Зберігання і захист інформації. Передавання зображень. Біомедичні сенсори і технології сканування. Електронні медичні записи та архіви зображень та системи зв'язку (PACS). Машинний інтелект у медичній візуалізації.

Тема 12. Інтелектуальні технології в охороні здоров’я

Штучний інтелект у біоінформатиці. Глибоке навчання в аналізі медичних зображень. Автоматичне виявлення уражень за допомогою 3D-згорткових нейронних мереж. Біомедична сегментація зображень для точної радіаційної онкології.

Тема 13. Моделювання даних

Обробка природної мови для аналізу великих медичних даних. Широкомасштабний гістопатологічного аналізу зображень. Біомедичне моделювання даних та параметричне зображення. Візуалізація біомедичних даних та інформації. Біомедична характеристика зображення.

Тема 14. Телемедичні та дистанційні технології в охороні здоров’я

Медична робототехніка. Клінічна та освітня віртуальна реальність. Соціальна та афективна робототехніка для терапії нейропатологій. Телездоров’я та обчислювальне здоров’я. Інтернет речей в охороні здоров’я. Соціальні медіа для охорони здоров’я. Аналіз даних та поведінкова інформатика в сучасній охороні здоров’я. Телемедицина та інформаційні технології віддаленого консультування.

Змістовий модуль 4. Системна біологія

Тема 15. Утворення мереж у клітині

Основні поняття про мережі та хімічні реакції з точки зору інформатики. . Вхідна функція гена, кінетика Міхаеліса-Ментен та кооперативність. Авторегуляція, зворотний зв'язок і бістабільність. Вступ до синтетичної біології та аналіз стаціонарності в тригері. Коливальні генетичні мережі. Графічні властивості мереж транскрипції. Мотив мережевої петлі зворотного зв'язку.

Тема 16. Потоки у клітині

Вступ до стохастичної експресії генів. Причини та наслідки стохастичної експресії генів. Стохастичне моделювання – головне рівняння, рівняння Фоккера-Планка та алгоритм Гіллеспі. Формування зворотних зв’язків. Потоки речовини та інформації в клітині.

Тема 17. Еволюційні алгоритми

Надійність у розвитку та формуванні зразків. Еволюція в кінцевих популяціях, генетичний дрейф та теорія нейтральної молекулярної еволюції. Фітнес-пейзажі та простори послідовностей. Еволюційні ігри.

Тема 18. Моделі екологічних зв’язків

Виживання в умовах, що коливаються. Паразити, еволюція вірулентності та статі. Міжвидові взаємодії, модель Лотки-Вольтерри та коливання хижака-жертви. Стабільність екосистеми, критичні переходи та підтримка біорізноманіття. Динаміка популяцій у просторі. Нейтральна теорія екології.

Теми практичних занять

3-й семестр

1. Пошук прихованих повідомлень у нуклеотидній послідовності. Побудова мапи частот відрізків.
2. Вирішення задачі збігу відрізків у нуклеотидній послідовності. Вирішення задачі приблизного збігу відрізків.
3. Обчислення рахунку мотивів та їх пошук. Реалізація жадібного алгоритму пошуку мотивів.
4. Реалізація рандомізованого алгоритму пошуку мотивів.
5. Пошук і порівняння біологічних послідовностей за допомогою відкритих ресурсів.
6. Моделювання просторових структур біологічних молекул.
7. Аналіз білкових та нуклеотидних послідовностей.
8. Молекулярний дизайн і докінг білкових структур.

4-й семестр

9. Збереження сканованої медичної інформації.
10. Застосування нейромереж для аналізу медичних зображень.
11. Візуалізація наборів цифрових даних.
12. Організація дистанційного керування.

13.Створення моделі складної хімічної взаємодії.
14.Аналіз потоків за допомогою CellNetAnalizer.
15.Комп'ютерне моделювання еволюційних змін.
16.Моделювання екологічної мережі в EcoNet.

Індивідуальні завдання

Під час вивчення дисципліни аспіранти готують доповіді, презентації, реферати з окремих тем курсу та доповіді на щорічну науково-практичну конференцію підрозділів ВНТУ, інші науково-технічні конференції та семінари. Індивідуальні завдання можуть містити дослідно-пошукові та проєктні задачі по роботі з великими масивами інформації.

Форми контролю

Поточний контроль здійснюється у формі фронтального, індивідуального чи комбінованого контролю знань здобувачів під час практичних занять, тестування, двох колоквіумів.

Підсумковий контроль знань проводиться шляхом складання здобувачами освіти диференційованого заліку за темами, що охоплюють весь курс дисципліни (у кожному семестрі).

Оцінювання результатів навчання (в кожному семестрі)

Модуль	Колоквіум	Практичні заняття	Виконання інд. завдань, СР	Всього
I	20	20	10	50
II	20	20	10	50
За семестр	40	40	20	100

Політика курсу

Викладач та всі здобувачі, що вивчають цей курс, зобов'язуються дотримуватись положень, визначених у документах:«Кодекс етики ВНТУ», «Положення про академічну доброчесність студентів та науково-педагогічних працівників ВНТУ», «Положення про рейтингову систему оцінювання досягнень студентів у ВНТУ». Учасники освітнього процесу погоджуються, що за порушення цих положень несуть особисту відповідальність.

Базові інформаційні ресурси

1. Інформаційні технології в біології та медицині : навчальний посібник / В. І. Гриценко, А. Б. Котова, М. І. Вовк [та ін.]. К. : Наукова думка, 2007. 383 с.

2. Горобець С. В. Горобець О. Ю., Хоменко Т. А. Основи біоінформатики [Електронний ресурс] : підручник / НТУУ «КПІ». Київ : НТУУ «КПІ», 2010. 156 с. Режим доступу : http://ela.kpi.ua/bitstream/123456789/774/1/10-11-146.pdf

3. Азнакаєв Е. Г. Моделювання біомедичних процесів. Геноміка : навчальний посібник / МОН України, НАУ. К. : Освіта України, 2011. 428 с.

4. Шмараков І. О., Марченко М. М. Біоінформатика : навчально-методичний посібник. Чернівці : Рута, 2008. 76 с.

5. Concepts in Bioinformatics and Genomics / J. Momand, A. McCurdy, S. Heubach, N. Warter-Perez. New York : Oxford University Press, 2017. 504 p.

6. Compeau P., Pevzner P. Bioinformatics algorithms. Computational biology. – https://www.bioinformaticsalgorithms.org/

7. Sung W.-K. Algorithms in Bioinformatics: A Practical Introduction / Wing-Kin Sung. Boca Raton : CRC Press, 2009. 407 p.

8. Biotechnology and Biomedical Engineering : Virtual Lab // Amrita Vishwa Vidyapeetham : http://vlab.amrita.edu/index.php?sub=3

9. Wójcik, Waldemar, and Andrzej Smolarz, eds. Information Technology in Medical Diagnostics. CRC Press, 2017.

10. Wójcik, Waldemar, Sergii Pavlov, and Maksat Kalimoldayev, eds. Information Technology in Medical Diagnostics II. CRC Press, 2019.

11. Alon, Uri. An introduction to systems biology: design principles of biological circuits. CRC press, 2019.
https://books.google.com.ua/books?id=tcxCkIxzCO4C

12. Jin, Qun, Xiaohong Jiang, and J. Park. Frontier and future development of information technology in medicine and education. Ed. Shaozi Li. Springer, 2014.

13. Навроцька К. С., Штофель Д. Х., Костішин С. В., Макогон В. І. Адаптивний алгоритм тестування для оцінювання когнітивних функцій людини. Вісник Національного технічного університету «Харківський політехнічний інститут». Серія: Інформатика та моделювання. 2017. № 21 (1243). С. 135–143.

14. Information system for adaptive correction of newborns motor disorders / Sergii Kostishyn, Sergii Zlepko, Dmytro Shtofel et al. // Advanced Trends in Radioelecrtronics, Telecommunications and Computer Engineering (TCSET), 2018 14th International Conference, Lviv-Slavske, February 20-24, 2018. – Lviv : Publishing House of Lviv Polytechnic, 2018. – P. 671-674.