

## ĐỀ CƯƠNG CHI TIẾT HỌC PHẦN

### 1. Tên học phần: Tin sinh học (Bioinformatics)

- Mã số học phần: CSS602

- Số tín chỉ học phần: 3 tín chỉ

- Số tiết học phần: 15 tiết lý thuyết, 30 tiết thực hành trên máy tính và 30 tiết tự học.

### 2. Đơn vị phụ trách học phần:

- Bộ môn: Công nghệ sinh học phân tử

- Khoa/Viện: Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ sinh học

### 3. Điều kiện tiên quyết: CS602 Sinh học phân tử tế bào

### 4. Mục tiêu của học phần:

#### 4.1. Kiến thức:

4.1.1. Nắm vững các kiến thức cơ bản về tin sinh học và các kỹ thuật sinh học phân tử.

4.1.2. Biết các cơ sở dữ liệu sinh học phổ biến trên thế giới và học chi tiết ngân hàng NCBI

4.1.3. Hiểu nguyên lý và vận dụng các phần mềm tin sinh học thông dụng để giải quyết, phân tích những vấn đề thường gặp phải trong nghiên cứu trình tự DNA, RNA và chuỗi acid amin

4.1.4. Hiểu nguyên tắc thiết kế môi, đoạn dò và xây dựng bản đồ enzyme cắt giới hạn.

#### 4.2. Kỹ năng:

4.2.1. Có khả năng thiết kế các đoạn trình tự môi, đoạn dò ứng dụng trong kỹ thuật sinh học phân tử. Xây dựng bản đồ enzyme cắt giới hạn.

4.2.2. Biết cách phân tích, so sánh trình tự DNA, RNA và protein, đọc kết quả sau khi phân tích. Hiểu ý nghĩa các phương pháp phân tích các thông số, chỉ số.

4.2.3. Tăng cường kỹ năng làm việc nhóm, kỹ năng tìm kiếm dữ liệu, kỹ năng cài đặt và sử dụng phần mềm.

4.2.4. Tăng cường vốn từ tiếng Anh.

#### 4.3. Thái độ:

4.3.1. Siêng năng trong học tập.

4.3.2. Trung thực trong việc trình bày kết quả phân tích.

## **5. Mô tả tóm tắt học phần**

Học viên Tin sinh học sẽ được giới thiệu và tiếp cận những phần mềm và website hỗ trợ cho việc nghiên cứu và phân tích các kết quả trong lĩnh vực Di truyền phân tử. Học viên sẽ được học các kỹ thuật phân tích DNA mới như AFLP, SSR, ISSR. Kỹ thuật giải trình tự thế hệ mới.

Trong chương trình đào tạo thạc sĩ, học phần sẽ chuyên sâu hơn cách sử dụng các phần mềm thông dụng giúp tìm kiếm cũng như phân tích các trình tự DNA của các phân đoạn đặc trưng cũng như phân tích cấu trúc các dạng phân đoạn DNA hay protein của các bộ gen sinh vật giúp chúng ta chẩn đoán (molecular diagnosis) nhận diện (molecellar identification), phân loại (molecular classification & molecular taxonomy), nghiên cứu phả hệ (molecular phylogeny) và tiến hoá lịch sử (molecular evolutionary history).

Bên cạnh đó, học viên biết cách khai thác các dữ liệu sinh học trên các website phổ biến hiện nay (NCBI, EMBL, OWL, EMBOSS, DDBJ) nhằm phục vụ cho những nghiên cứu và ứng dụng khác nhau trong công nghệ sinh học.

Học phần đáp ứng chuẩn đầu ra LO1, LO2, LO3, LO4, LO5, LO6, LO8, LO7 trong CTĐT ngành thạc sĩ Công nghệ sinh học và thạc sĩ vi sinh vật

## **6. Cấu trúc nội dung học phần:**

### **6.1 Lý thuyết**

	<b>Nội dung</b>	<b>Số tiết</b>	<b>Mục tiêu</b>
<b>Chương 1</b>	<p><b>Giới thiệu đại cương về Tin Sinh Học và các thuật ngữ trong Sinh Học Phân tử</b></p> <p>1.1. Giới thiệu cơ bản về tin sinh học và các kỹ thuật thông dụng trong sinh học phân tử</p> <p>1.2. Ứng dụng và hữu ích của Tin sinh học trong công nghệ sinh học</p> <p>1.3. Các phần mềm được sử dụng phổ biến hiện nay</p> <p>1.4. Giới thiệu cách cài đặt và ý nghĩa của các phần mềm được sử dụng trong học phần: SeqVerter, Clustal X, DNA club, Primer 3, FastPCR, Mega 6, ...</p>	2	4.1.1; 4.2.4
<b>Chương 2.</b>	<p><b>Giới thiệu đại cương về cách xác định trình tự, phân tích chuỗi trình tự DNA và acid amin</b></p> <p>2.1. Nguyên tắc chung.</p> <p>2.2. Giới thiệu các định dạng cơ bản cho dữ liệu chuỗi trình tự: FASTA, NEXUS...</p> <p>2.3. Các phương pháp giải trình tự. Phương pháp giải trình tự thế hệ mới.</p> <p>2.4. Giới thiệu các phần mềm và thao tác định dạng các chuỗi trình tự</p> <p>2.5. Cách dàn hàng 2 trình chuỗi trình tự và nhiều chuỗi trình tự khác nhau</p> <p>2.6. So sánh cặp và so sánh nhiều trình tự DNA</p> <p>2.7. Bài tập thực hành trên phần mềm: Notepad, SeqVerter, DNAclub, Bioedit</p>	2	4.1.2; 4.2.4
<b>Chương 3.</b>	<p><b>Các cơ sở dữ liệu sinh học phân tử đang được sử dụng phổ biến trên thế giới và cách khai thác nguồn cơ sở dữ liệu này</b></p> <p>3.1. Giới thiệu các cơ sở dữ liệu trực tuyến phổ biến hiện nay: NCBI, EMBL, OWL, EMBOSS, DDBJ</p> <p>3.2. Cách sử dụng và khai thác các cơ sở dữ liệu trên</p> <p>3.3. Ý nghĩa các chỉ số trong so sánh tương đồng các chuỗi trình tự (E value, Max score, Identity percentage)</p> <p>3.4. Bài tập thực hành trên các cơ sở dữ liệu</p>	2	4.1.2; 4.2.4

	<b>Nội dung</b>	<b>Số tiết</b>	<b>Mục tiêu</b>
	NCBI, EMBL, ... . - Khai thác thông tin về gen, acid amin - Sử dụng thành thạo các công cụ trên cơ sở dữ liệu: Blast, Pubmed, Pubmed central, Genome, ...		
<b>Chương 4.</b>	<b>Thiết kế bản đồ enzyme cắt giới hạn</b> 4.1. Giới thiệu về enzyme cắt giới hạn 4.2. Vai trò và ứng dụng của enzyme cắt giới hạn trong nghiên cứu DNA 4.3. Tìm vị trí cắt enzyme cắt giới hạn trên DNA	2	4.1.3; 4.2.3; 3.2.4
<b>Chương 5.</b>	<b>Thiết kế đoạn môi và đoạn dò</b> 5.1. Giới thiệu chung 5.2. Những nguyên tắc cơ bản khi thiết kế đoạn dò, đoạn môi 5.3. Ứng dụng các đoạn dò và đoạn môi trong nghiên cứu Sinh học phân tử	2	4.1.4; 4.2.3; 3.2.4
<b>Chương 6.</b>	<b>Nghiên cứu, xây dựng cây phát sinh chủng loại dựa vào trình tự DNA, Protein</b> 6.1. Giới thiệu về cây phát sinh chủng loại và nghiên cứu đa dạng sinh học dựa vào trình tự những trình tự DNA 6.3. Giới thiệu về cây phát sinh chủng loại và nghiên cứu đa dạng sinh học dựa vào trình tự những trình tự Protein	2	4.1.3; 4.2.3; 3.2.4
<b>Chương 7.</b>	<b>Xây dựng cây phát sinh chủng loại dựa vào những phân đoạn DNA</b> 7.1. Giới thiệu về cây phát sinh chủng loại và nghiên cứu đa dạng sinh học dựa vào những phân đoạn DNA 7.2. Ý nghĩa các thông số trong kết quả phân tích nghiên cứu cây phả hệ 7.3. Phần mềm NTSYSpc2.1	1	4.1.3; 4.2.3; 3.2.4

## 6.2 Thực hành

	<b>Nội dung</b>	<b>Số tiết</b>	<b>Mục tiêu</b>
<b>Bài 1.</b>	Chuyển đổi trình tự	3	4.1.1; 4.2.4;4.3
<b>Bài 2.</b>	Tìm kiếm thông tin về gen	5	4.1.2; 4.2.2;

			4.2.4;4.3
<b>Bài 3.</b>	Thiết kế bản đồ enzyme cắt giới hạn	5	4.1.3; 4.2.1; 4.2.4;4.3
<b>Bài 4.</b>	Thiết kế mồi và đoạn dò	5	4.1.4; 4.2.1; 4.2.4;4.3
<b>Bài 5.</b>	Vẽ giản đồ phân nhánh dựa vào sự đa dạng các đoạn DNA	5	4.1.3; 4.2.2; 4.2.4; 4.3
<b>Bài 6.</b>	Xây dựng cây phát sinh loài dựa vào trình tự DNA	5	4.1.3; 4.2.2; 4.2.4; 4.3
<b>Bài 7.</b>	Xem cấu trúc 3D của protein	2	4.1.3; 4.2.4

### 7. Phương pháp giảng dạy:

- Lý thuyết
- Thực hành trên máy tính thông qua các bài tập
- Thảo luận nhóm
- Báo cáo
- Bài tập về nhà

### 8. Nhiệm vụ của sinh viên:

Sinh 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 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 trong suốt học kỳ.
- Tham dự thi kết thúc học phần.
- Chủ động tổ chức thực hiện giờ tự học.

### 9. Đánh giá kết quả học tập của sinh viên:

#### 9.1. Cách đánh giá

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

TT	Điểm thành phần	Quy định	Trọng số	Mục tiêu
1	Điểm chuyên cần	Số tiết tham dự học/tổng số tiết	10%	4.3
2	Điểm bài tập	Số bài tập đã làm/số bài tập được giao	10%	4.1, 4.2, 4.3
3	Điểm bài tập nhóm	- Báo cáo/thuyết trình - Được nhóm xác nhận có tham gia	20%	4.1, 4.2, 4.3
4	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	60%	4.1, 4.2, 4.3

#### 9.2. 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 làm tròn đến một chữ số thập

phân, sau đó chuyển thành điểm chữ (thang điểm A-B-C-D-F) và điểm số (thang điểm 4) theo quy định về công tác học vụ của Trường.

#### 10. Tài liệu học tập:

##### Thông tin về tài liệu

##### Số đăng ký cá biệt

#### 6. TÀI LIỆU THAM KHẢO CỦA HỌC PHẦN (dùng font size 11)

1. Orengo C.A., D.T. Jones and J.M. Thornton. (2005), Bioinformatics- genes, proteins & Computer, Bios Scientific Publishers. Pp 293.
2. Stephan A.K. and David D.W. (2003), Introduction to Bioinformatics. A Theo and Pratic, Human Press.
3. Shui Qing Ye.- Boca Raton, (2008), Bioinformatics : A practical approach, Chapman & Hall/CRC, (2008).- xxvi, 618 p. ; ill., 25 cm ( Chapman & Hall/CRC mathematical and computational biology series), 1584888105.- 570.285/ Y37
4. Nguyễn Văn Cách.- Hà Nội: Khoa học và Kỹ thuật, (2005), Tin - Sinh học .- 144 tr., 24 cm.- 572.80285/ C102
5. Trần Nhân Dũng và Nguyễn Vũ Linh. (2010), Giáo trình Tin Sinh học. Nxb Đại học Cần Thơ.

#### 10. Tài liệu học tập:

##### Thông tin về tài liệu

##### Số đăng ký cá biệt

- |   |            |
|---|------------|
| [1] Giáo trình tin sinh học / Trần Nhân Dũng, Nguyễn Vũ Linh.- Cần Thơ: Nhà xuất bản Đại học Cần Thơ, 2011.- 154 tr. ; Minh họa, 24 cm.- 572.80285/ D513  | NN.015643  |
|   | NN.015642  |
|   | SP.020384  |
|   | SP.020381  |
|   | MOL.062478 |
|   | MOL.062477 |
|   | MOL.062476 |
|   | MON.041464 |
|   | MON.041463 |
|   | DIG.003096 |
| [2] Bioinformatics : A practical approach / Shui Qing Ye.- Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2008.- xxvi, 618 p. ; ill., 25 cm ( Chapman & Hall/CRC mathematical and computational biology series), 1584888105.- 570.285/ Y37 | MON.030015 |
| [3] Tin - Sinh học / Nguyễn Văn Cách.- Hà Nội: Khoa học và Kỹ thuật, 2005.- 144 tr., 24 cm.- 572.80285/ C102  | MT.004816  |
|   | MT.004815  |
|   | MOL.001750 |
|   | MOL.001612 |
|   | MOL.061338 |
|   | MOL.061339 |

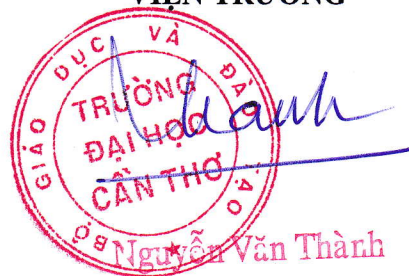
MON003488

MON.040279

**11. Hướng dẫn sinh viên tự học:**

Tuần	Nội dung	Lý thuyết (tiết)	Thực hành (tiết)	Nhiệm vụ của sinh viên
1	<b>Chương 1:</b> Giới thiệu đại cương Tin Sinh học và các thuật ngữ sinh học phân tử	2	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung toàn bộ Chương 1
2	<b>Chương 2:</b> Cơ sở dữ liệu sinh học phân tử	2	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung toàn bộ Chương 2 + Làm lại các bài tập đã làm trong nội dung chương 1 +Tra cứu nội dung về cơ sở dữ liệu trong tài liệu [2] và [3]
3	<b>Chương 2:</b> Cơ sở dữ liệu sinh học phân tử (tt)	0	3	Xem lại nội dung đã học trên lớp, chương 2 Làm thêm bài tập chương 2 trong tài liệu [2] và [3]
4	<b>Chương 3:</b> Thiết kế bản đồ enzyme cắt giới hạn	2	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung của Chương 3
5	<b>Chương 4:</b> Thiết kế môi và đoạn dò	2	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung của Chương 4 +Tài liệu [2],[3] tham khảo Chương 4
6	<b>Chương 5:</b> Phân nhóm dựa vào sự đa dạng các đoạn DNA	2	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung của Chương 5 +Tài liệu [2],[3] tham khảo Chương 5
7	<b>Chương 6:</b> Xây dựng cây phát sinh loài dựa vào trình tự DNA	2	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung của Chương 6 +Tài liệu [2],[3] tham khảo Chương 6
8	<b>Chương 7:</b> Kỹ thuật microarray	3	0	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung của Chương 7 +Tài liệu [2],[3] tham khảo Chương 7
9	<b>Chương 8:</b> Phân tích cấu trúc 3D của protein	1	3	-Nghiên cứu trước: +Tài liệu [1]: nội dung của Chương 8 +Tài liệu [2],[3] tham khảo Chương 8

**TL. HIỆU TRƯỞNG  
VIỆN TRƯỞNG**



*Cần Thơ, ngày 25 tháng 12 năm 2019*  
**GIẢNG VIÊN BIÊN SOẠN**

**PGS.TS. TRẦN NHÂN DŨNG**