



**ӘЛ-ФАРАБИ атындағы
ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ**

**КАЗАХСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
имени АЛЬ-ФАРАБИ**

**«БІЛІМ БЕРУ БАҒДАРЛАМАЛАРЫН
ЖАҢҒЫРТУ: АККРЕДИТАЦИЯ ЖӘНЕ
КАДРЛАР ДАЙЫНДАУ САПАСЫНЫҢ КЕПІЛІ»
46-ғылыми-әдістемелік конференция
МАТЕРИАЛДАРЫ**

14-15 қаңтар 2016 жыл

4-кітап

**МАТЕРИАЛЫ
46-й научно-методической конференции
«МОДЕРНИЗАЦИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫХ
ПРОГРАММ: АККРЕДИТАЦИЯ И ГАРАНТИЯ
КАЧЕСТВА ПОДГОТОВКИ КАДРОВ»**

14-15 января 2016 года

Книга 4

Алматы 2016

Атамбаева Ш.А., Иващенко А.Т., Нармуратова М.Х., Оразова С.Б.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ИТ-ИНСТРУМЕНТОВ В ПРОЦЕССЕ ИЗУЧЕНИЯ НЕКОТОРЫХ ДИСЦИПЛИН СОВРЕМЕННОЙ БИОЛОГИИ

В условиях модернизации системы образования современного Казахстана одной из особенностей образовательной среды является использование информационных технологий (ИТ) в процессе изучения некоторых дисциплин современной биологии. Наряду с методами "invitro", "invivo", в настоящее время в современной биологии используются и такие методы как "insilico". Планирование молекулярно-биологических экспериментов insilico ведется преимущественно в процессе обучения таких дисциплин как геномика, протеомика и биоинформатика. В ходе практических и семинарских занятий этих дисциплин, выполнение любого задания проводится с использованием ИТ-инструментов. ИТ-инструментами можно считать пакет MicrosoftOffice, глобальная сеть «Интернет», WEB-приложения, программное обеспечение.

Основными объектами геномики и протеомики являются нуклеиновые кислоты и белки. Большие размеры данных макромолекул предполагают наличие огромных баз данных, в которых хранятся и дополняется вся информация о нуклеиновых кислотах и белках. В настоящее время биологами используются сотни Web-сайтов, которые доступны для поиска данных по многим дисциплинам. Каждая база данных имеет свой формат хранения информации и взаимосвязь с другими крупными базами данных. Крупнейшими хранилищами нуклеиновых кислот и аминокислотных последовательностей являются такие, как GenBank, EMBL, SWISS-PROT, KEGG и другие. Большую роль в геномике, протеомике и биоинформатике играют также базы данных по экспрессии генов, последовательностей РНК, карт, белков, по продукции белков. Есть базы данных по протеомике и метаболомике, структурам белков, мутациям, метаболическим путям и регуляции, по анатомии человека, биохимии, а также по научной литературе, по программному обеспечению. Одна из задач геномики и протеомики является в первую очередь изучение различных баз данных. Эффективность поисковой работы, систематизация информации, полученная из баз данных, зависит в первую очередь от сформированных компетенций в результате освоения данных дисциплин, а именно профессиональных (знания о теоретических основах хранения биологической информации и практического применения этих знаний в биологии).

После получения из биологических баз данных и сохранения на жесткий диск необходимой информации, проводится анализ последовательностей биологических макромолекул (ДНК, РНК, белков) и это является повседневной работой современного биолога, специализирующегося в области геномики, протеомики и биоинформатики. Анализ большого размера макромолекул требует использования специализированных ИТ-инструментов. Одним из таких инструментов является WEB-приложение, используемое для анализа последовательностей ДНК — SequenceManipulationSuite. Данное приложение может работать как в режиме online, так и offline, оно включает в себя множество различных программ (более 50), которые являются мини-инструментами данного приложения и значительно облегчают работу биолога или биоинформатика. Данный интернет ресурс, позволяет осуществлять различные операции с нуклеотидными и аминокислотными последовательностями, а именно: изменять формат нуклеотидной последовательности; разделять последовательности ДНК на триплеты; получать комлементарные молекулы ДНК; переводить однобуквенные обозначения аминокислот в трех буквенные и обратно; выравнивать нуклеотидные и аминокислотные последовательности; переводить нуклеотидную последовательность в аминокислотную и наоборот; искать определенные домены и так далее. SequenceManipulationSuite имеет несколько инструментов, преобразующие биологические последовательности из одного формата в другой. К примеру, инструмент "GenBankto FASTA" позволяет быстро перевести последовательность из формата "GenBank" в формат "FASTA", последний используется для поиска гомологичных последовательностей относительно одной изучаемой. У данного приложения имеется также

инструменты, которые проводят статистический анализ последовательностей, например "CodonUsage" вычисляет частоту встречаемости кодонов, "DNA Stats" проводит статистический анализ нуклеотидов и вычисляет частоту встречаемости мононуклеотидов, а также процентное соотношение нуклеотидов. Программа также может посчитать молекулярный вес макромолекул.

SMS Sequence Manipulation Suite: Version 2

Format Conversion

- Combine FASTA
- EMBL to FASTA
- EMBL Feature Extractor
- EMBL Trans Extractor
- Filter DNA
- Filter Protein
- GenBank to FASTA
- GenBank Feature Extractor
- GenBank Trans Extractor
- One to Three
- Range Extractor DNA
- Range Extractor Protein
- Reverse Complement
- Split Codons
- Split FASTA
- Three to One
- Window Extractor DNA
- Window Extractor Protein

- The Sequence Manipulation Suite is a collection of JavaScript programs for generating, formatting, and analyzing short DNA and protein sequences. It is commonly used by molecular biologists, for teaching, and for program and algorithm testing.
- See the about the Sequence Manipulation Suite page for more information about individual Sequence Manipulation Suite programs.
- You can easily mirror the Sequence Manipulation Suite on your own web site, or you can use it off-line.
- This version of the Sequence Manipulation Suite represents a complete re-write of the previous version. The new version is much faster and has many new features. The previous version of the Sequence Manipulation Suite can still be accessed.

Рис. 1. Некоторые программы интернет ресурса Sequence Manipulation Suite

Одно из преимуществ данного WEB-приложения является его доступность и многофункциональность. WEB-приложение SequenceManipulationSuite используется для формирования личностных компетенций, что дает возможность выработать у студентов способность к планированию, проведению теоретических и экспериментальных исследований, обработке полученных результатов и представлению их в определенной форме.

В результате изучения протеомики студент будет знать о способах и возможностях использования современных подходов, приемов и методов для изучения белковых структур. Для этого одной из задач протеомики является изучение и использование такой программы как "RasWin", которая предназначена для просмотра 3D молекул белков. Данная программа находится в свободном доступе в глобальной сети «Интернет», скачать ее можно по адресу <http://www.rasmol.org/>. RasWin позволяет просматривать 3D-структуру белков в формате "pdb". Так называемые "белковые файлы" в данном формате можно найти в базе данных ProteinDataBase (PDB) по адресу <http://www.rcsb.org/>. Для того чтобы найти нужную структуру необходимо в окне поиска набрать ID-код структуры или название, например, 3PEP - pepsin. Далее в результате поиска найти ссылку на файл "pdb" формата. Программа RasWin дает возможность визуализировать макромолекулы в различных вариациях: проволочная модель, шариковая модель, остовная модель, шарнирная модель (рис.2), при этом в данной программе предусмотрен выбор цветов для отдельных групп атомов, которые составляют макромолекулу. Полученные 3D изображения белковых структур можно сохранить в форматах "bmp", "gif", "epsf", "ppm" и "rast" и использовать их в представлении результатов своей работы.

Визуализация молекулы белка

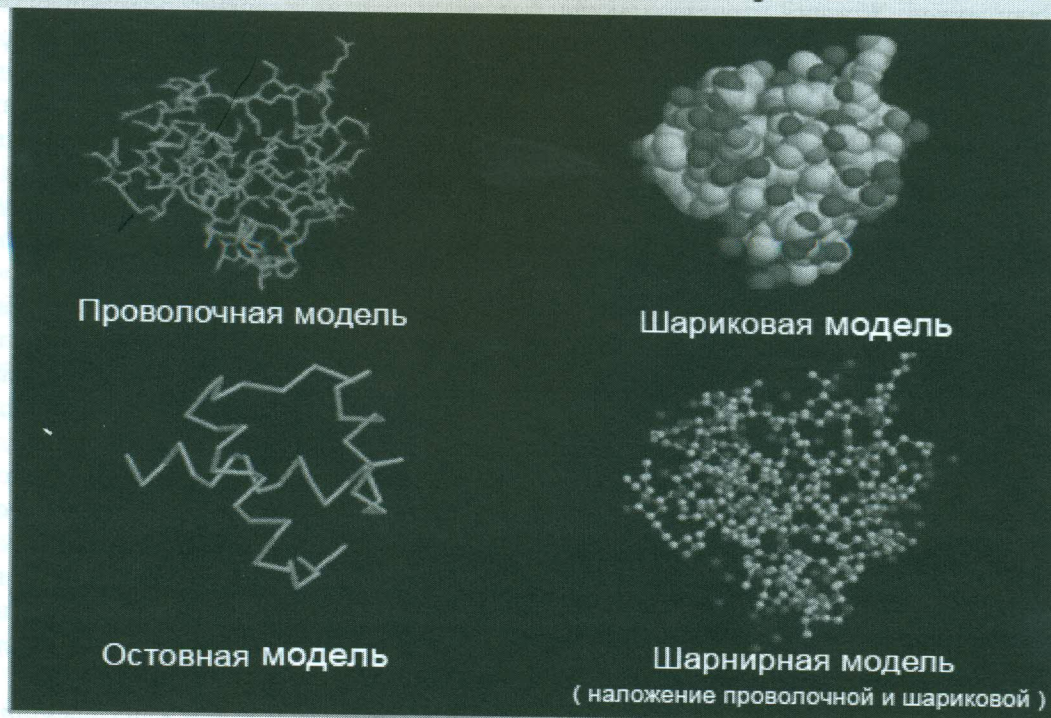


Рис.2 Разные вариации визуализации модели белка программой RasWin

Таким образом, использование IT-технологий в процессе обучения некоторых дисциплин современной биологии является частью содержания образования, и имеет важное значение в решении образовательных проблем, так как использование средств IT-технологий расширяет возможности человеческого мышления и является методом формирования мышления. Использование IT-инструментов повышает эффективность обучения и самостоятельной работы студента, дает возможность не только развивать, но и фиксировать творческие и профессиональные навыки.

Ахметбекова А.К.

МӘТІН ОҚЫТУДА ИНТЕРНЕТ-РЕСУРСТАРДЫ ПАЙДАЛАНУ ЖОЛДАРЫ

Мақалада мәтіннің жаңа лексиканы меңгерудегі орны көрсетіле келе, араб тіліндегі мәтінді оқу мәселелері қарастырылады. Жаңа лексиканың мәні мен концептілері мәтін контексімен тығыз байланысты. Сондықтан да мәтін оқудың екінші этапында сөздерді мәтін тәуелділігінен босату мақсатында интернет-ресурстар арқылы тақырыптас мәтіндерді қолдану тәсілдері ұсынылады.

Шет тілі болсын, ана тілі болсын, тіл үйренуде мәтін оқыту дәстүрлі әдістердің бірі ретінде бұрыннан қолданыста. Сонымен қатар интернет материалдарын кең қолдану мүмкіншілігі мәтін оқытуды жаңа деңгейге көтеріп, оның практикалық мәнділігін арттыра түсті. Мәтіндерді оқу барысында тіл үйренуші продуктивті және рецептивті лексиканы тәжірибе тұрғысында меңгеріп, тілдік, сөйлеу және әлеуметтік-мәдени білімдерін бір жүйеде қарастыра отырып, өзінің коммуниктивтік біліктілігін ұштай түседі. Бұл тұрғыда мәтін әр түрлі тақырыптар негізіндегі лексикалық қор жиынтығын құрумен қатар, жазба сөзге, аудармаға, интерпретация жасауға машықтандыратын құрал болып табылады.