

Аннотация рабочей программы дисциплины

«Биоинформатика и геномика»

Цель и задачи освоения дисциплины

Целью освоения дисциплины «Биоинформатика и геномика» является приобретение системы знаний о крупномасштабных биологических проблемах, требующих анализа больших объемов данных.

Биоинформатика — междисциплинарная область, объединяющая общую биологию, молекулярную биологию, кибернетику, генетику, химию, компьютерные науки, математику и статистику. Крупномасштабные биологические проблемы, требующие анализа больших объемов данных, решаются биоинформатикой с вычислительной точки зрения. Биоинформатика главным образом включает в себя изучение и разработку компьютерных методов и направлена на получение, анализ, хранение, организацию и визуализацию биологических данных. Однако, биоинформатические методы анализа также неразрывно связаны со многими научными областями, которые подразумевает поиск ответов на конкретные биологические вопросы. В таком случае основные направления можно выделить на основании исследуемых объектов:

Задачи

1. Ознакомление с основными информационными ресурсами биологии.
2. Обзор базовых биоинформатических методов и алгоритмов анализа биологических данных.
3. Обзор успешных примеров генерации гипотез о механизмах молекулярно-генетических процессов с использованием методов биоинформатики и функциональной геномики.
4. Практическая работа с онлайн биоинформатическими ресурсами для решения конкретных биологических задач.
5. Разработка алгоритмов и программ для более эффективной работы с данными
6. Хранение и передача информации или работа с базами данных
7. Биоинформатика последовательностей. Анализ экспрессий
8. Структурная биоинформатика
9. Изучение клеточной организации. Системная биология

Содержание дисциплины

В результате освоения дисциплины обучающиеся изучат теоретический и практический материал по следующим темам:

Введение в биоинформатику и функциональную геномику. Основные задачи и набор инструментов.

Банки данных биологических последовательностей. Геномные браузеры. GenBank.

Сравнение нуклеотидных и белковых последовательностей. Парное выравнивание. BLAST.

«Продвинутый» поиск гомологичных последовательностей. PSI-BLAST, MegaBLAST, BLASTZ, BLAT. Скрытые марковские модели.

Множественное выравнивание последовательностей: основные алгоритмы и их особенности. ClustalW, MAFFT, MUSCLE и другие методы.

Молекулярная филогения и эволюция. Ортологи и паралоги. Филогенетические деревья и алгоритмы их построения и анализа.

Молекулярная филогения и эволюция. Модели эволюции. Гипотеза молекулярных часов. Скорости замен и время дивергенции.

Методы предсказания в биологии.

Поиск сигналов в нуклеотидных последовательностях. Распознавание сайтов связывания транскрипционных факторов

Транскриптомика. Особенности анализа полногеномных данных по экспрессии генов.

Статистические методы обработки данных микрочип экспериментов. Ранговый коэффициент связи по Спирмену

Полихорический показатель связи

Дисперсионный анализ.

Дисперсионные модели признаков

Оценка комбинационной способности исходного материала и определение наследуемости признаков

Пробит-анализ. Статистический метод – про бит-анализ. Алгоритм проведения про бит-анализа

Протеомика. Специализированные базы данных по белкам. Белковые семейства (домены и мотивы). Поиск и предсказание физических свойств белков

Трудоемкость дисциплины и форма промежуточной аттестации

Объем дисциплины 180 часов, 5 зачетных единицы. Дисциплина изучается на на 1 курсе, во 2 семестре и на 2 курсе в 3 семестре. По итогам изучаемого курса студенты сдают зачет во 2 семестре и экзамен в 3 семестре.