

Аннотация рабочей программы дисциплины «Биоинформатика»

Целью освоения дисциплины «Биоинформатика» является изучение основ биоинформатики и современных методов статистического анализа; формирование у студентов системных знаний о принципах, методах и технологиях сбора, хранения, обработки, анализа и передачи биологической информации, а также способности разрабатывать, апробировать и оценивать эффективность компьютерных технологий в области нейробиологии.

Задачи дисциплины

- формирование системы общепрофессиональных и профессиональных компетенций, необходимых для успешного решения задач в области биоинформатики и современных методов статистического анализа;
- формирование качеств нейробиолога-исследователя, способного творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации, использовать современные вычислительные комплексы для решения профессиональных задач в области нейробиологии;
- дать представление о современном биоинформационном программном обеспечении.

СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Тема 1. Введение. Мол. Биология, статистика. Общие понятия. История Биоинформатики. Место биоинформатики в современных исследованиях. Основные молекулярно биологические понятия необходимые для курса. Биологические базы данных: Swiss-prot, Uniprot, EBI, NCBI

Тема 2. Методы визуализации и стат. Обработки. Основные базы данных

Тема 3. Биоинформатические методы в протеомике и геномике. Парное выравнивание последовательностей

Тема 4. Системная биология и интеграция данных. Работа с программами BLAST

Тема. 5. Исследование сложных микробных сообществ. Множественное выравнивание последовательностей

Тема 6. Геном человека, gwas и раковый геномный проект. Молекулярная эволюция, филогения

Тема 7. Организация данных в мультицентровых исследованиях с большими массивами данных. Анализ экспрессии генов, микрочипы

Тема 8. Моделирование в системной биологии, диф. Уравнения и агентное моделирование. Изучение структуры и функций белков

Тема 9. Онтологии и систематизация данных. Gene ontology. Анализ обогащения наборов генов. Молекулярный докинг

Тема 10. Основы создания алгоритмов в биоинформатике. Брут-форс и быстрые алгоритмы. Предсказание структуры и функций белков

Тема 11. Графы как основа для классов алгоритмов по сборке и картирования. Исследование сложных микробных сообществ

Тема 12. Алгоритмы картирования на основе трансформации барроуза-уилера Графы как основа для классов алгоритмов по сборке и картирования

Тема 13. Алгоритмы идентификации полиморфизмов и присвоения индекса патологичности. Алгоритмы поиска эпистатических взаимодействий

Тема 14. Алгоритм mowse и подход к идентификации спектров. Математические методы

биологических исследований

Тема 15. Алгоритмы построения сетей белок-белкового взаимодействия. Банки последовательностей биополимеров

Тема 16. Алгоритмы построения регуляторных сетей. Метод моделирования по гомологиям

Тема 17. Алгоритмы поиска эпистатических взаимодействий. Молекулярная механика как объект биоинформатики

Тема 18. Алгоритмы и метрики в метагеномных исследованиях. Алгоритмы используемые для моделирования

Тема 19. Алгоритмы используемые для моделирования. Суть белок белковых взаимодействий. Данные для построение сетей белок белковых взаимодействий. Отсев ложноположительных взаимодействий

Тема 20. Алгоритмы построения филогенетических деревьев (методы максимального правдоподобия, максимальной парсимонии, neighbour joining). Алгоритмы построения филогенетических деревьев (методы максимального правдоподобия, максимальной парсимонии, Neighbour Joining)

Тема 21. Алгоритмы обработки данных экспериментов по эпигенетике. Типы метагеномной классификации: по составу, филогении, гибридные алгоритмы. Понятие операционной таксономической единицы (OTU). Расстояние UniFrac. Меры альфа- и бета-разнообразия

ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ – 4 зачетные единицы.

ФОРМА ПРОМЕЖУТОЧНОГО КОНТРОЛЯ – зачет.