

Биоинформационный анализ генома

Направление подготовки: 06.04.01 - Биология

Профиль подготовки: Генетика

Квалификация выпускника: магистр

Форма обучения: очное

Объем дисциплины (модуля) в зачетных единицах с указанием количества часов, выделенных на контактную работу обучающихся с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающихся

Общая трудоемкость дисциплины составляет 2 зачетных(ые) единиц(ы) на 72 часа(ов).

Контактная работа - 22 часа(ов), в том числе лекции - 10 часа(ов), практические занятия - 12 часа(ов), лабораторные работы - 0 часа(ов), контроль самостоятельной работы - 0 часа(ов).

Самостоятельная работа - 50 часа(ов).

Контроль (зачёт / экзамен) - 0 часа(ов).

Форма промежуточного контроля дисциплины: зачет во 2 семестре.

N	Разделы дисциплины / модуля	Семестр	Виды и часы контактной работы, их трудоемкость (в часах)			Самостоятельная работа
			Лекции	Практические занятия	Лабораторные работы	
1.	Тема 1. Введение в биоинформатику и основные понятия молекулярной биологии.	2	2	0	0	5
2.	Тема 2. Методы анализа геномных данных.	2	2	2	0	15
3.	Тема 3. Методы анализа метагеномных данных.	2	2	4	0	10
4.	Тема 4. Методы анализа транскриптомных данных.	2	2	4	0	10
5.	Тема 5. Методы анализа протеомных данных.	2	2	2	0	10
	Итого		10	12	0	50

Распределение оценок за формы текущего контроля и промежуточную аттестацию

Про- и эукариоты. Особенности организации генома.
Понятие «минимального генома». Искусственный геном.
Популяционная генетика. ДНК-маркеры.
Гаплогруппы. Геногеография.
Медицинская генетика, нутригенетика, фармакогенетика.
Генетика спортивных достижений.
Транскриптомный анализ.
Биоинформатика и биоинженерия: возникновение, цели, задачи, методы.
Секвенирование первого поколения: по Сэнгеру, по Максаму-Гилберту. «Золотой стандарт» секвенирования.
Секвенирование второго (следующего) поколения: пиросеквенирование (454 Life Sciences), секвенирование лигированием (SOLiD).
Секвенирование второго (следующего) поколения: ионное полупроводниковое секвенирование (Ion Torrent Systems), секвенирование путем синтеза (Illumina).
Секвенирование третьего поколения: нанопоровое секвенирование (Oxford Nanopore Technologies), одномолекулярное секвенирование (Pacific Biosciences).
Сборка генома de novo: этапы (сборка контигов, скаффолдинг, закрытие гэпов). Оценка качества сборки.
Сборка генома по референсу. Выравнивание (картирование).
Аннотация геномной сборки: поиск ORF, предсказание функции. Автоматические системы аннотации баз данных NCBI, RAST, IMG.
Базы данных генетической информации: NCBI, EMBL, DDBJ, SwissProt, PDB.
Сравнительная геномика. Core- и pan-геном. Филогенетические деревья.
Функциональные классы белков. Ферменты и метаболические пути. Классификация ферментов (EC). Киотская энциклопедия генов и геномов (KEGG).
Ресеквенирование генома человека. NGS в медицине: экзом и таргетное секвенирование.
Экзомное секвенирование. Алгоритм анализа экзомных данных.
Микробные сообщества, показатели и методы оценки их разнообразия, понятие "метагеном".

Распределение баллов за формы текущего контроля:

Реферат (ПК-2) – 30 баллов

Устный опрос (ПК-1) – 20 баллов

Итого 15+25+10 = 50 баллов

Зачет – 50 баллов

50+50=100 баллов

Соответствие баллов и оценок:

0-54 – неудовлетворительно

55-70 – удовлетворительно

71-85 – хорошо

86-100 – отлично

Оценочные средства, порядок их применения и критерии оценивания

Оценочные средства текущего контроля

Реферат по теме:

Порядок проведения.