

АННОТАЦИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

«Основы геномики и биоинформатики»

Дисциплина «Основы геномики и биоинформатики» является частью программы магистратуры «Хемобиодинамика и биоинформатика» по направлению «01.04.02 Прикладная математика и информатика».

Цели и задачи дисциплины

Дисциплина «Основы геномики и биоинформатики» опирается на основные знания и представления биохимии, биофизики, системной и молекулярной биологии, использует методы прикладной математики и информатики в молекулярно-биологических исследованиях. Подготовка по дисциплине даёт возможность получить теоретическую базу и практические навыки использования компьютерных технологий для обработки экспериментальных данных по структуре биологических макромолекул с целью получения биологически важной информации. Дисциплина реализует математические алгоритмы, связанные с биологическими объектами, применяет экспериментальные и расчетные данные физико-химической биологии, геномики и протеомики. Предмет является междисциплинарным и изучается после и параллельно с указанными ниже курсами. Целью учебной дисциплины является формирование основополагающих представлений о биоинформатике; знакомство с соответствующими вычислительными инструментами, обобщающими многочисленные экспериментальные работы по системной и молекулярной биологии, биофизики, биохимии, генетике и др.; знакомство с методологией разработки алгоритмов компьютерного анализа данных геномики и протеомики; базовое освоение программных продуктов, позволяющих предсказывать пространственную структуру биополимеров. Содержание курса направлено также на формирование у студентов современного естественнонаучного мировоззрения, развитие научного мышления и расширение их научно-технического кругозора. К задачам дисциплины можно отнести получение информации об основных законах геномики и биоинформатики; освоение основных терминов и классификаций в области биоинформатики; знакомство с основами химии и физики нуклеиновых кислот и белков; освоение методов и подходов биоинформатики для проведения компьютерного анализа данных геномики и протеомики..

Изучаемые объекты дисциплины

Предметом освоения дисциплины являются: основы химии и физики нуклеиновых кислот и белков; основные положения и методология биоинформатики; языки программирования и основные алгоритмы, используемые для анализа биоинформационных данных; понятийный аппарат геномики и биоинформатики; биоинформационные ресурсы..

Объем и виды учебной работы

Вид учебной работы	Всего часов	Распределение по семестрам в часах	
		Номер семестра	
		3	4
1. Проведение учебных занятий (включая проведение текущего контроля успеваемости) в форме:	72	36	36
1.1. Контактная аудиторная работа, из них:			
- лекции (Л)	32	16	16
- лабораторные работы (ЛР)			
- практические занятия, семинары и (или) другие виды занятий семинарского типа (ПЗ)	36	18	18
- контроль самостоятельной работы (КСР)	4	2	2
- контрольная работа			
1.2. Самостоятельная работа студентов (СРС)	72	36	36
2. Промежуточная аттестация			
Экзамен	36	36	
Дифференцированный зачет	9		9
Зачет			
Курсовой проект (КП)			
Курсовая работа (КР)	18	18	
Общая трудоемкость дисциплины	180	108	72

Краткое содержание дисциплины

Наименование разделов дисциплины с кратким содержанием	Объем аудиторных занятий по видам в часах			Объем внеаудиторных занятий по видам в часах
	Л	ЛР	ПЗ	СРС
3-й семестр				
Процессы генной регуляции.	4	0	4	10
Механизмы регуляции экспрессии генов. Основные уровни регуляции метаболизма, регуляция работы ферментов и транспорта веществ. Регуляция метаболизма на уровне транскрипции, влияние топологии ДНК на синтез белков. Процессинг РНК. Трансляция. Процессинг белков.				

Наименование разделов дисциплины с кратким содержанием	Объем аудиторных занятий по видам в часах			Объем внеаудиторных занятий по видам в часах
	Л	ЛР	ПЗ	СРС
Базовая информация о ДНК, РНК и белках.	2	0	4	6
Основные понятия геномики. Аминокислоты, строение и свойства. ДНК, РНК, нуклеотиды. Нуклеотиды и нуклеиновые кислоты. Аминокислоты и белки. Биологические последовательности. Основы молекулярной биологии. Организация генетической информации. Структура генов и регуляторные последовательности. Опероны и регулоны. Функционирование и организация геномов прокариот и эукариот. Укладка ДНК в эукариотических хромосомах. Обмен нуклеиновых кислот. Репликация. Генетическая рекомбинация.				
Организация биологических систем.	2	0	0	8
Предмет геномики и биоинформатики. Структура биоинформатики и ОМИКС-технологии. Объекты и методы исследования. История развития наук о молекулярных основах жизни. Организация клеток прокариот и эукариот. Компартаментизация. Органеллы, их структура и функции. Биомолекулы.				
Методы генетического конструирования и анализа.	4	0	6	6
Методы генетического конструирования <i>in vitro</i> . Генетическая инженерия. Технология рекомбинантных ДНК и клонирование. Гибридизация ДНК. Олигонуклеотид-направленный мутагенез. Полимеразная цепная реакция и её приложения. Методы изучения биологических последовательностей.				
Вариабельность генетической информации.	4	0	4	6
Вариабельность геномов. Методы генетического конструирования <i>in vivo</i> . Мобильные генетические элементы. Плазмиды. Генетическая трансформация. Протопласты. Основы мутагенеза. Виды мутаций. Генетическое конструирование эукариот.				
ИТОГО по 3-му семестру	16	0	18	36
4-й семестр				
Анализ больших массивов биологических данных.	4	0	4	10
Анализ NGS данных. Биоинформатические				

Наименование разделов дисциплины с кратким содержанием	Объем аудиторных занятий по видам в часах			Объем внеаудиторных занятий по видам в часах
	Л	ЛР	ПЗ	СРС
подходы к анализу РНК. Генная экспрессия. Анализ RNASeq данных. Структурная и функциональная геномика. Анализ белка и протеомика. Метабомика. Метагеномный анализ.				
Технологии секвенирования.	2	0	2	4
Секвенирование биологических последовательностей. Высокопроизводительное секвенирование NGS. Химический синтез ДНК и РНК, конструирование генов. Геномное редактирование. Методы анализа последовательностей и структуры белков. Протеомика.				
Перспективы развития биоинформатики.	2	0	4	4
Биоинформатика и геномное конструирование. Перспективы развития геномики и биоинформатики.				
Сравнение нуклеотидных и белковых последовательностей и филогенетический анализ. Обработка данных.	4	0	4	10
Геномы и протеомы. Анализ геномной ДНК, РНК и белка. Примеры сравнения данных. Матрицы замен. Программное обеспечение, интернет – ресурсы и сервисы. Биологические базы данных, их организация и наполнение. Обзор современных биологических баз данных. Алгоритмы выравнивания последовательностей. Множественное выравнивание последовательностей. Clustal. Анализ и предсказание структуры белков. Филогенетический анализ. BLAST и его использование. Множественное выравнивание белковых последовательностей. Визуализация и моделирование пространственных структур макромолекул.				
Биоинформатика в медицине и фармакологии.	4	0	4	8
Генетические заболевания человека: последствия вариации ДНК. Категории заболеваний. Базы данных заболеваний. Подходы к выявлению ассоциированных с заболеванием генов и локусов. Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS). Гены человека, связанные с заболеваниями в				

Наименование разделов дисциплины с кратким содержанием	Объем аудиторных занятий по видам в часах			Объем внеаудиторных занятий по видам в часах
	Л	ЛР	ПЗ	СРС
<p>модельных организмах. Использование методов биоинформатики в онкологии, неврологии, кардиологии, иммунологии, при подборе индивидуальных методов лечения для конкретного пациента. Использование методов биоинформатики для диагностики генетических заболеваний у плода. Использование методов биоинформатики в судебно-медицинских исследованиях. Исследования микробиома для выявления патогенеза заболеваний человека. Поиск новых лекарственных мишеней. Поиск биомаркеров. Исследования генома бактерий для выявления причин антибиотикорезистентности.</p>				
ИТОГО по 4-му семестру	16	0	18	36
ИТОГО по дисциплине	32	0	36	72