

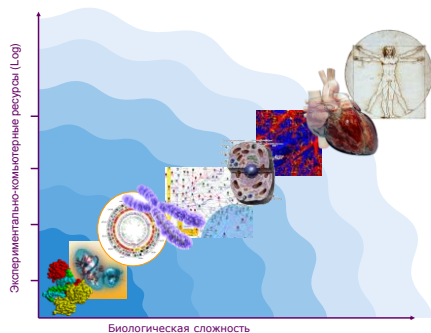
Введение в информационную биологию

Программа курса лекций.

Кафедра Информационной Биологии ФЕН НГУ, 2-й семестр 2010-2011 уч.года.

Лекции проходят по субботам в 16.00 (конференц-зал Института Цитологии и Генетики СО РАН).

Порядок лекций может отличаться от представленного в программе.



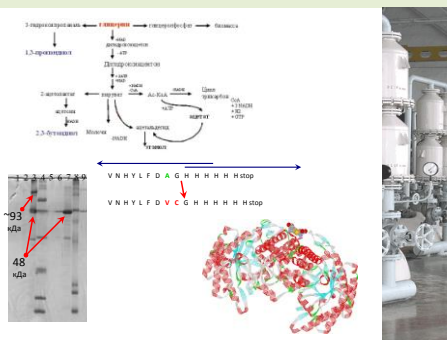
Колчанов Н.А. «Введение в информационную биологию».

В лекции рассказывается о появлении на стыке биологии, математики, физики, химии и информатики новых областей науки – биоинформатики и системной биологии. Рассматриваются основные направления – геномика, протеомика, транскриптомика, эволюционная биоинформатика и биоинформатика развития и др. Также рассказывается о структуре отдела Системно Биологии ИЦиГ СО РАН и о Кафедре Информационной биологии ФЕН НГУ.



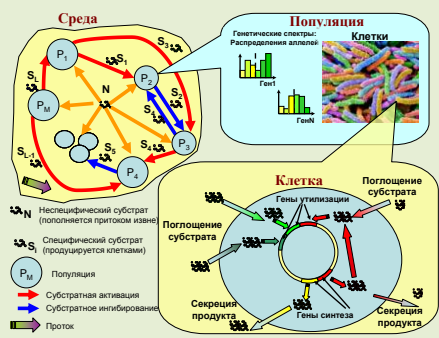
Афонников Д.А. «Адаптация организмов к экстремальным условиям среды на молекулярном и геномном уровне: исследование методами биоинформатики».

В лекции рассказывается о различных способах адаптации организмов (в частности, прокариотических) к экстремальным условиям среды обитания (сверхвысокое или сверхнизкое давление, высокие температуры и т.д.), а также о теоретических методах исследования этих способов. Рассматриваются методы изучения эволюции с помощью биоинформационных подходов.



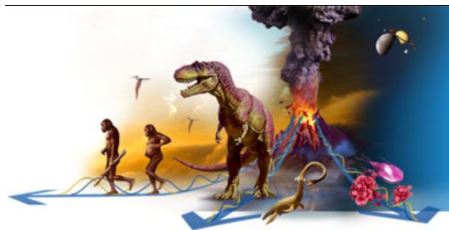
Сорокина К.Н. «Современные подходы в создании промышленных биотехнологий».

Лекция посвящена современным подходам в создании промышленных биотехнологий, основанных на синтезе биоинженерии, микробиологии, метаболической инженерии. Рассмотрено применение биоинформационных подходов для улучшения свойств белков, а также продукции целевых веществ.



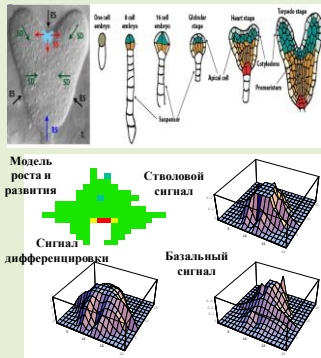
Лашин С.А. «Теоретическое исследование эволюции прокариот».

В лекции рассматриваются различные аспекты теоретического исследования эволюции и функционирования прокариот. Математические и компьютерные модели: от простых моделей метаболизма бактериальной клетки до моделей бактериального сообщества. Анализ и сравнение геномов прокариотических организмов.



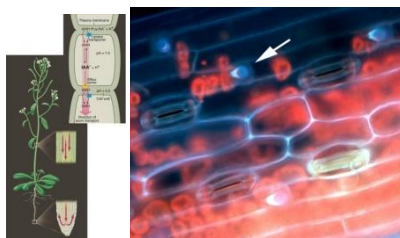
Гунбин К.В. «Компьютерное исследование режимов эволюции генов и генных сетей животных, обуславливающих эмбриональное развитие».

Лекция посвящена различным подходам и компьютерным системам для исследования режимов эволюции белок-кодирующих генов и генных сетей, разработанных в ИЦиГ СО РАН и за рубежом. В лекции будут освещены различные аспекты молекулярной эволюции эмбрионального развития животных на примере генных сетей Shh-, Dpp-, BMP и других каскадов сигналов.



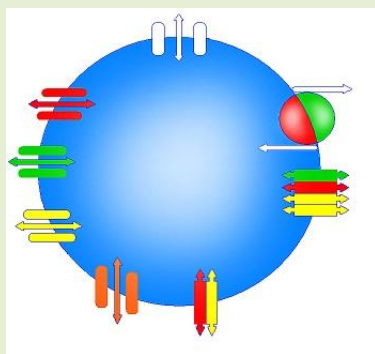
Акбердин И.Р. «Математическое моделирование динамики функционирования живых систем на различных иерархических уровнях их организации».

Лекция посвящена подходам, компьютерным системам для математического моделирования живых систем, разработанных в ИЦиГ СО РАН. В качестве биологического объекта математического моделирования будет рассмотрена меристема побега – ткань растения, содержащая стволовые клетки.



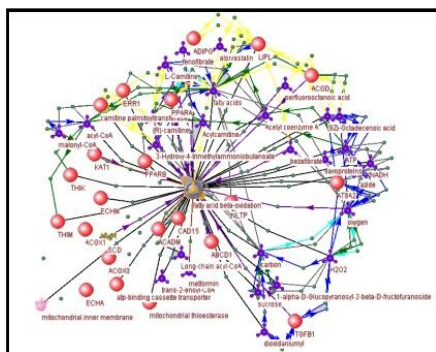
Дорошков А.В./Миронова В.В. «Современная генетика растений: в поле и за компьютером».

В лекции рассматривается положение исследований в современной генетике растений – основные объекты, достижения, перспективы, а также ряд успешно применяемых компьютерных и компьютерно-экспериментальных подходов.



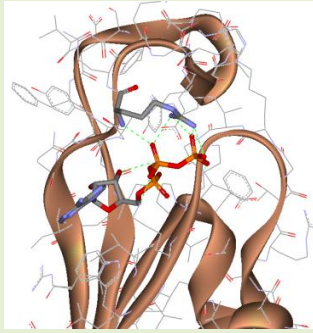
Иляскин А.В. «Решение задач физиологии методами биоинформатики».

Лекция посвящена применению методов математического моделирования для изучения физиологических процессов. Будут представлены основные подходы к математическому описанию транспорта веществ через мембрану клетки. В частности, будут рассмотрены результаты моделирования механизмов регуляции объема клеток и связанных с ними процессов трансмембранного переноса воды и осмолитов.



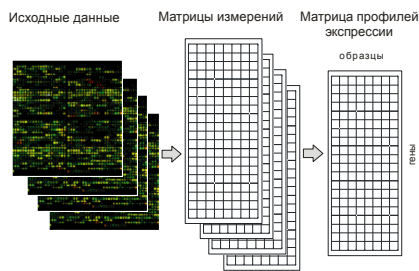
Яркова Е.Э. «Применение автоматического анализа текстов (Text-mining) для реконструкции ассоциативных генетических сетей».

Лекция посвящена использованию методов автоматизированного анализа текстов в биоинформатике. Дается краткий обзор различных областей применения методов text-mining в биологии, а также более подробно рассматривается автоматизированное извлечение знаний о взаимодействиях между молекулярно-генетическими объектами, клеточными процессами и заболеваниями из текстов научных публикаций с целью реконструкции ассоциативных сетей молекулярно-генетических взаимодействий.



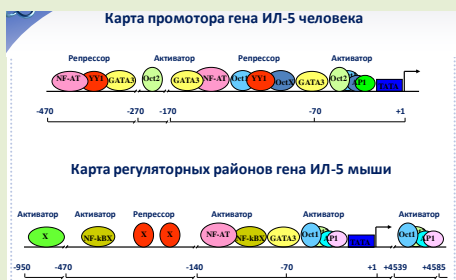
Иванисенко В.А. «Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков; новая фармакология».

Лекция посвящена подходам компьютерной протеомики, направленным на решение задач в области молекулярного дизайна, моделирования и анализа эволюции белков, а также новой фармакологии.



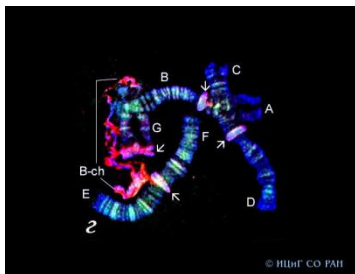
Катохин А.В./Ефимов В.М. «Применение ДНК-микрочипов для исследования структуры геномов и экспрессии генов: эксперимент и биоинформатика».

В лекции даётся представление о технологии ДНК-микрочипов, о разнообразии технических решений в рамках технологии, об областях применения этой технологии для решения молекулярно-биологических задач. Рассматриваются методы предобработки (логарифмирование, стандартизация, квантильное выравнивание) и обработки данных (кластеризация, метод главных компонент и другие).



Мордвинов В.А. «Экспериментально-компьютерные подходы к изучению регуляции транскрипции генов цитокинов (на примере генов интерлейкина-5 человека и мыши)».

С помощью экспериментально-компьютерного подхода определена структурно-функциональная организация регуляторных районов генов интерлейкина-5 (ИЛ-5) мыши и человека. Обнаруженные межвидовые различия указывают на то, что экспериментальные данные, полученные при исследовании регуляции экспрессии гена ИЛ-5 мыши, не могут адекватно отражать механизмы регуляции экспрессии ИЛ-5 человека.



Рубцов Н.Б. «Современные методы микроскопии и компьютерного анализа изображений».

В лекции рассказывается о современных методах микроскопии, от подготовки препаратов до компьютерного анализа изображений.