

Аннотация рабочей программы дисциплины

«Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы анализа генетических текстов»

Дисциплина **«Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы анализа генетических текстов»** реализуется в рамках образовательной программы высшего образования – программы магистратуры 06.04.01 БИОЛОГИЯ. Информационная биология по очной форме обучения на русском языке. Дисциплина реализуется на факультете естественных наук Новосибирского национального исследовательского государственного университета кафедрой информационной биологии.

Место в образовательной программе:

Дисциплина **«Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы анализа генетических текстов»** является дисциплиной вариативной части Блока 1 программы магистратуры по направлению подготовки **06.04.01 «биология»** (квалификация бакалавр). Дисциплина предназначена для повышения грамотности в области молекулярной биологии и биоинформатики, направлена на развитие аналитического стиля мышления у студентов-биологов, а также нацелена на формирование у выпускника общепрофессиональных (**ОПК**) и профессиональных компетенций (**ПК**):

- готовность творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач (**ОПК-7**);
- способность использовать философские концепции естествознания для формирования научного мировоззрения (**ОПК-8**);
- способность применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований, использовать современную аппаратуру и вычислительные комплексы (в соответствии с направленностью (профилем) программы магистратуры) (**ПК-3**).

В результате освоения дисциплины обучающийся должен:

знать: способы представления информации в геномных базах данных, типы функциональных кодов геномной ДНК, достоинства и недостатки методов распознавания функциональных сайтов в геномной ДНК, основные способы конвейерной обработки данных массового анализа,

уметь: самостоятельно делать запросы в геномные базы данных и извлекать их результаты, находить данные по виду организма/гену/метаболическому пути или термину геномной онтологии с помощью баз данных; рассчитывать статистические характеристики, используемые для сравнения точности разных методов распознавания

владеть: основными методами поиска информации по молекулярно-биологической тематике, уметь составлять выборки данных.

Перечень основных разделов дисциплины:

Содержание дисциплины – информация об основных методах поиска, представления и анализа данных в информационной биологии, в том числе и о способах массового (полногеномного) анализа данных; основных методах анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, освоение студентами ряда методов стандартных средств обработки информации, включая прикладные программы поиска и анализа, интернет-ресурсы и базы данных по биоинформатической тематике.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 2 зачетных единицы, 72 академических часа.

Правила аттестации по дисциплине.

Текущий контроль. Формой текущего контроля при прохождении дисциплины является контроль посещаемости занятий. Все контрольные точки оцениваются баллами, и к концу семестра каждый студент набирает некоторую сумму баллов, которая при преодолении заранее определенного барьера может привести к получению им итоговой экзаменационной оценки «автоматом».

Итоговый контроль. Допуск к экзамену осуществляется по итогам работы в конце семестра. Если студент не набирает требуемой для «оценки-автомата» суммы баллов, он должен пройти устное собеседование, по итогам которого выставляется экзаменационная оценка по шкале «неудовлетворительно», «удовлетворительно», «хорошо», «отлично». Оценки «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означают успешное прохождение курса.

Учебно-методическое обеспечение дисциплины.

Пособия и методические работы:

1. Презентации лекций на сайте КИБ http://kib.nsu.ru/?page_id=538