

Аннотация к рабочей программе дисциплины «Компьютерная транскриптомика»

Дисциплина «Компьютерная транскриптомика» 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 Федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования “Новосибирский национальный исследовательский государственный университет”.

Место в образовательной программе:

Дисциплина «Компьютерная транскриптомика» является дисциплиной по выбору блока 1 программы магистратуры по направлению подготовки 06.04.01 «Биология» (квалификация магистр).

Дисциплина «Компьютерная транскриптомика» нацелена на формирование у выпускника общепрофессиональных (ОПК) и профессиональных (ПК) компетенций:

- готовностью использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач (ОПК-3)
- способностью применять знание истории и методологии биологических наук для решения фундаментальных профессиональных задач (ОПК-5)
- готовностью творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач (ОПК-7)
- Способность творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры (ПК-1)
- 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 студент должен:

Знать задачи биоинформатики и методы их решения; что такое экспрессия генов и экспериментальные методы ее определения, основные алгоритмы и программы определения уровней экспрессии генов, методы анализа данных по итогам оценки экспрессии генов и аннотации дифференциально экспрессирующихся генов, алгоритмы и программы сборки транскриптома *de novo*; методологию, конкретные методы и приемы научно-исследовательской работы с использованием современных компьютерных технологий, необходимые для освоения дисциплин профессионального цикла; методические основы проектирования и выполнения полевых и лабораторных биологических и экологических исследований.

Уметь демонстрировать ответственность за качество выполненной работы и достоверность результатов; решать различные задачи (учебные или возникающие в процессе исследовательской работы) с использованием базовых знаний по истории и методологии биологических дисциплин, для решения фундаментальных профессиональных задач; применять алгоритмы и программы для анализа экспрессионных данных, для полученных результатов проводить статистическую обработку, анализировать и интерпретировать полученные результаты; проводить биологические исследования с использованием современных методов биологии (компьютерной транскриптомики); применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных

биологических, экологических исследований в соответствии с профилем магистерской программы.

Владеть современными компьютерными технологиями при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации; навыком использования теоретические знания и экспериментальные навыки для самостоятельного планирования и проведения эксперимента, анализа и оформления полученных результатов.

Перечень основных разделов дисциплины:

1. Введение в биоинформатику
2. Экспрессия генов. Транскриптомика. Массовое параллельное секвенирование
3. Данные массового параллельного секвенирования: формат, конвертация, процессинг
4. Конвейер для обработки данных массового параллельного секвенирования транскриптомов. Конвейерные системы
5. Задача картирования прочтений на геном. Особенности картирования транскриптомных последовательностей
6. Дифференциальная экспрессия генов. Многомерный анализ данных по экспрессии генов.
7. Задача сборки транскриптома *de novo*. Аннотация транскриптомных последовательностей
8. Задачи, решаемые с помощью анализа транскриптомных данных

При освоении дисциплины студенты выполняют следующие виды учебной работы: лекции, практические занятия, консультации, самостоятельная работа. В учебном процессе предусматривается использование активных и интерактивных форм проведения занятий. В том числе, предполагаются работа в малых группах, использование технологий проблемного обучения, написание и защита исследовательских проектов.

Самостоятельная работа включает: подготовку к практическим занятиям по разделам дисциплины, написание исследовательской работы, подготовку презентаций докладов, подготовку к экзамену.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 зачетных единицы, 108 академических часа.

Правила аттестации по дисциплине.

Текущий контроль успеваемости:

Текущий контроль по дисциплине «Компьютерная транскриптомика» осуществляется на практических занятиях на основании защиты результатов проведенной работы по основным разделам дисциплины. По результатам защиты выставляется оценка «зачтено» или «не зачтено». Оценка «зачтено» является одним из условий допуска к прохождению промежуточной аттестации.

Промежуточная аттестация:

Промежуточная аттестация по дисциплине «Компьютерная транскриптомика» проводится по завершению каждого периода ее освоения (семестра). Промежуточная аттестация по дисциплине включает 2 этапа:

- 1) написание и защиту итоговой работы;
- 2) экзамен.

Выполнение и защита исследовательской работы в полном соответствии с предъявляемыми требованиями к ее содержанию и срокам защиты (оценка «зачтено») является необходимым условием допуска к экзамену. Результаты промежуточной (итоговой) аттестации определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

Оценки «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означают успешноехождение промежуточной аттестации.

Учебно-методическое обеспечение дисциплины.

Презентации лекций на сайте кафедры информационной биологии.