

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский
государственный университет» (Новосибирский государственный университет, НГУ)

Факультет естественных наук

Согласовано

Декан ФЕН

Резников В.А.

_____ *подпись*

«__» _____ 20__ г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

КОМПЬЮТЕРНАЯ ТРАНСКРИПТОМИКА

направление подготовки: 06.04.01 Биология
направленность (профиль): Информационная биология

Форма обучения: очная

Разработчики:

к.б.н., доцент Афонников Д.А.

к.б.н., ассистент Землянская Е.В.

Зав.каф. информационной биологии
академик РАН Колчанов Н.А.

Руководитель программы:

д.б.н. Шестопалова Л.В.

Новосибирск, 2020

Содержание

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы.....	3
2. Место дисциплины в структуре образовательной программы	4
3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося	4
4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий.....	5
5. Перечень учебной литературы	7
6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся..	7
7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины	7
8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине	8
9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине	8
10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.....	8
Приложение 1 Аннотация по дисциплине	
Приложение 2 Оценочные средства по дисциплине	

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
ОПК-3 Готовность использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач	- задачи биоинформатики и методы их решения	- демонстрировать ответственность за качество выполненной работы и достоверность результатов	
ОПК-5 Способность применять знание истории и методологии биологических наук для решения фундаментальных профессиональных задач	- 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 <i>de novo</i>	- 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	
ОПК-7 Готовность творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической	- методологию, конкретные методы и приемы научно-исследовательской работы с использованием современных компьютерных	- применять алгоритмы и программы для анализа экспрессионных данных, для полученных результатов проводить	- современными компьютерными технологиями при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
информации для решения профессиональных задач	технологий, необходимые для освоения дисциплин профессионального цикла	статистическую обработку, анализировать и интерпретировать полученные результаты	
ПК-1 Способность творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры		- проводить биологические исследования с использованием современных методов биологии (компьютерной транскриптомики)	- навыком использования теоретические знания и экспериментальные навыки для самостоятельного планирования и проведения эксперимента, анализа и оформления полученных результатов
ПК-3 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)	- методические основы проектирования и выполнения полевых и лабораторных биологических и экологических исследований	- применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований в соответствии с профилем магистерской программы	

2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплины (практики), изучение которых необходимо для освоения дисциплины
Компьютерная транскриптомика:

- Молекулярная биология,

- Новейшие молекулярно-генетические технологии,
- Практика по начальной специализации «Системная биология и биоинформатика»

Дисциплины (практики), для изучения которых необходимо для освоения дисциплины

Компьютерная транскриптомика:

- при подготовке магистерской диссертации.

3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося

Трудоемкость дисциплины – 3 з.е. (108 ч)

Форма промежуточной аттестации: 1 семестр –экзамен

№	Вид деятельности	Семестр
		1
1	Лекции, ч	12
2	Практические занятия, ч	24
3	Лабораторные занятия, ч	
4	Занятия в контактной форме, ч., из них	40
5	из них аудиторных занятий, ч	36
6	в электронной форме, ч	
7	консультаций, час.	2
8	промежуточная аттестация, ч	2
9	Самостоятельная работа, час.	68
10	Всего, ч	108

4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий

1 семестр
Лекции (12 ч)

Наименование темы и их содержание	Объем, час
Раздел 1 Введение в биоинформатику	
1. Введение в биоинформатику. Информационные ресурсы и инструменты биоинформатики	1
Раздел 2 Картирование прочтений на геном и анализ дифференциальной экспрессии генов	
1. Экспрессия генов. Транскриптомика. Массовое параллельное секвенирование.	1
2. Данные массового параллельного секвенирования: формат, конвертация, процессинг.	1
3. Конвейер для обработки данных массового параллельного секвенирования транскриптомов. Конвейерные системы	2
4. Задача картирования прочтений на геном. Особенности картирования транскриптомных последовательностей.	2
Многомерный анализ данных по экспрессии генов	
1. Дифференциальная экспрессия генов. Многомерный анализ данных по экспрессии генов.	2
Раздел 3 Сборка транскриптома <i>de novo</i> для оценки экспрессии генов	
1. Задача сборки транскриптома <i>de novo</i> .	1
Раздел 4 Функциональная аннотация ген	
1. Аннотация транскриптомных последовательностей	1
2. Примеры задач, решаемых с помощью анализа транскриптомных данных	1

Практические занятия (24 ч)

Содержание практического занятия	Объем, час
Семинар и решение задач по теме «Информационные ресурсы и инструменты биоинформатики»	4
Семинар и решение задач по теме «Картирование прочтений на геном и анализ дифференциальной экспрессии генов»	8
Семинар и решение задач по теме «Многомерный анализ данных по экспрессии генов»	4
Семинар и решение задач по теме «Сборка транскриптома <i>de novo</i> для оценки экспрессии генов»	6
Семинар и решение задач по теме «Функциональная аннотация генов»	2

Самостоятельная работа студентов (72 ч)

Перечень занятий на СРС	Объем, час
Подготовка к практическим занятиям.	36
Оформление результатов, полученных на практических занятиях, в форме исследовательской работы и подготовка презентации доклада	22
Подготовка к экзамену	10

5. Перечень учебной литературы

5.1 Основная литература

1 Ребриков, Д.В., Коростин Д.О., Шубина Е.С., Ильинский В.В. NGS высокопроизводительное секвенирование / Д.В. Ребриков.— 2-е изд.— Москва : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2015.— 232 с.

5.2 Дополнительная литература

2. Korpelainen E., Tuimala J., Somervuo P., Huss M., Wong G. RNA-seq data analysis: A practical approach— Boca Raton : CRS Press, 2014.—322 p.
3. Введение в информационную биологию и биоинформатику: учеб. пособие: в 5 т. / Отв. ред. Н.А. Колчанов, О.В. Вишнеvский, Д.П. Фурман; Новосиб. гос. ун-т.—Новосибирск: РИЦ НГУ, 2012.

6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся

4. Презентации лекций.

7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины

Освоение дисциплины используются следующие ресурсы:

- электронная информационно-образовательная среда НГУ (ЭИОС);
- образовательные интернет-порталы;

№ п/п	Наименование Интернет-ресурса	Краткое описание
1	SEQanswers [Электронный ресурс]. –: http://seqanswers.com/ .	Информационный ресурс (дискуссионный форум) о методах высокопроизводительного секвенирования
2	BioStar [Электронный ресурс]. https://www.biostars.org/ .	Информационный ресурс (дискуссионный форум) о методах высокопроизводительного секвенирования
3	RNA-Seq Blog [Электронный ресурс]. http://www.rna-seqblog.com/	Информационный ресурс высокопроизводительном секвенировании транскриптома

- информационно-телекоммуникационная сеть Интернет.

Взаимодействие обучающегося с преподавателем (синхронное и (или) асинхронное) осуществляется через личный кабинет студента в ЭИОС, электронную почту.

7.1 Современные профессиональные базы данных:

Не используются

7.2. Информационные справочные системы

Не используются

8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине

8.1 Перечень программного обеспечения

Для обеспечения реализации дисциплины используется стандартный комплект программного обеспечения (ПО), включающий регулярно обновляемое лицензионное ПО Windows и MS Office.

Перечень специализированного программного обеспечения для изучения дисциплины

№	Наименование ПО	Назначение	Место размещения
1	R	Программная среда для выполнения статистических вычислений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
2	FastQC	ПО для контроля качества коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
3	Trimmomatic	ПО для редактирования коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
4	Bowtie	ПО для картирования коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
5	TopHat2	ПО для картирования коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
6	STAR	ПО для картирования коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
7	Picard	ПО для манипулирования данными высокопроизводительного секвенирования	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
8	HTSeq	ПО для подсчета количества коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
9	DESeq	ПО для оценки дифференциальной экспрессии генов	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
10	edgeR	ПО для оценки дифференциальной экспрессии генов	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
11	Cufflinks	ПО для оценки дифференциальной экспрессии транскриптов	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
12	Samtools	ПО для манипулирования выравниваниями коротких прочтений	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
13	Trinity	ПО для сборки последовательностей транскриптов	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ
14	Velvet	ПО для сборки последовательностей	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ

		транскриптов	
15	QUAST	ПО для оценки качества геномной сборки	Высокопроизводительный вычислительный кластер НГУ

8.2 Информационные справочные системы
Не используются

9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине

Для реализации дисциплины **Компьютерная транскриптомика** используются специальные помещения:

1. Учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, курсового проектирования (выполнения курсовых работ), групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля, промежуточной и итоговой аттестации;

2. Помещения для самостоятельной работы обучающихся;

Учебные аудитории укомплектованы специализированной мебелью и техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду НГУ.

Для проведения занятий лекционного типа предлагаются следующие наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий:

- комплект лекций-презентаций по темам дисциплины;

Материально-техническое обеспечение образовательного процесса по дисциплине для обучающихся из числа лиц с ограниченными возможностями здоровья осуществляется согласно «Порядку организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья в Новосибирском государственном университете».

10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

Перечень результатов обучения по дисциплине **Компьютерная транскриптомика** и индикаторов их достижения представлен в виде знаний, умений и владений в разделе 1.

10.1 Порядок проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

Текущий контроль успеваемости:

Текущая аттестация по дисциплине «Компьютерная транскриптомика» осуществляется на практических занятиях на основании защиты результатов проведенной работы по основным разделам дисциплины. В ходе обучения студенты объединяются в группы по 2-3 человека. Каждая группа должна подготовить презентации докладов по каждому разделу самостоятельной работы и публично выступить с ними, защищая полученные результаты в ходе обсуждения. По результатам защиты выставляется оценка «зачтено» или «не зачтено». Оценка «зачтено» является одним из условий допуска к прохождению промежуточной (итоговой) аттестации. Для получения оценки «зачтено» презентация и доклад на каждую тему, соответствующую разделам, должна быть выполнена и защищена в полном соответствии с предъявляемыми требованиями.

Промежуточная аттестация:

Промежуточная аттестация по дисциплине включает 2 этапа:

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

Результаты промежуточной аттестации в семестре определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно». Оценки «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означают успешное прохождение промежуточной аттестации.

Описание критериев и шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Компьютерная транскриптомика

Таблица 10.1

Код компетенции	Результат обучения по дисциплине	Оценочное средство
ОПК-3	Знание задач биоинформатики и методов их решения	Экзамен
	Умение демонстрировать ответственность за качество выполненной работы и достоверность результатов	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
ОПК-5	Знание того, что такое экспрессия генов и экспериментальных методов ее определения, основных алгоритмы и программ определения уровней экспрессии генов, методов анализа данных по итогам оценки экспрессии генов и аннотации дифференциально экспрессирующихся генов, алгоритмов и программ сборки транскриптома <i>de novo</i>	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
	Умение 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	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
ОПК-7	Знание методологии, конкретных методов и приемов научно-исследовательской работы с использованием современных компьютерных технологий, необходимых для освоения дисциплин профессионального цикла	Экзамен
	Умение применять алгоритмы и программы для анализа экспрессионных данных, для полученных результатов проводить статистическую обработку, анализировать и интерпретировать полученные результаты	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
	Владение современными компьютерными технологиями при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
ПК-1	Умение проводить биологические исследования с использованием современных методов биологии (компьютерной транскриптомики)	Итоговая (курсовая) работа

	Владение навыком использования теоретических знаний и экспериментальные навыки для самостоятельного планирования и проведения эксперимента, анализа и оформления полученных результатов	Итоговая (курсовая) работа
ПК-3	Знание методических основ проектирования и выполнения полевых и лабораторных биологических и экологических исследований	Итоговая (курсовая) работа Экзамен
	Умение применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований в соответствии с профилем магистерской программы	Итоговая (курсовая) работа

Таблица 10.2

Критерии оценивания результатов обучения	Шкала оценивания
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – корректность и адекватность выбранных методов анализа и интерпретации результатов, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – осмысленность, логичность и аргументированность изложения материала, – точность и корректность применения терминов и понятий, – полнота раскрытия темы. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – владение теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, отсутствие затруднений в объяснении процессов и явления, а также при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий, – наличие исчерпывающих ответов на дополнительные вопросы. <p>При изложении ответа на вопрос(ы) экзаменационного билета обучающийся мог допустить непринципиальные неточности.</p>	Отлично
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – неполнота реализации выбранных методов анализа и интерпретации результатов, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – осмысленность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – полнота раскрытия темы. 	Хорошо

<p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники, – полнота понимания и изложения причинно-следственных связей, – самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в объяснении отдельных процессов и явления, а также при формулировке собственных суждений, – точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие полных ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок. 	
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – теоретический и фактический материал в слабой степени подкреплен ссылками на научную литературу и источники, – неосознанность и неосновательность выбранных методов анализа и интерпретации результатов, – частичное понимание и неполное изложение причинно-следственных связей, – осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации, – корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – фрагментарность раскрытия темы. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – теоретический и фактический материал в слабой степени подкреплен ссылками на научную литературу и источники, – частичное понимание и неполное изложение причинно-следственных связей, – самостоятельность и осмысленность в изложении материала, наличие ошибок в логике и аргументации, а также затруднений при формулировке собственных суждений, – корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок, – наличие неполных и/или содержащих существенные ошибки ответов на дополнительные вопросы. 	<p><i>Удовлетворительно</i></p> <p>0</p>
<p><u>Итоговая (курсовая) работа</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – отсутствие теоретического и фактического материала, подкрепленного ссылками на научную литературу и источники, – отсутствие интерпретации результатов, – непонимание причинно-следственных связей, – компилятивное, неосмысленное, нелогичное и неаргументированное изложение материала, – грубые ошибки в применении терминов и понятий, – фрагментарность раскрытия темы. – неподготовленность докладов и выступлений на основе предварительного изучения литературы по темам, неучастие в коллективных обсуждениях в ходе практического (семинарского) занятия. <p><u>Экзамен:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> – фрагментарное и недостаточное представление теоретического и фактического материала, не подкрепленное ссылками на научную литературу и источники, – непонимание причинно-следственных связей, 	<p><i>Неудовлетворительно</i></p>

<ul style="list-style-type: none">– отсутствие осмысленности, структурированности, логичности и аргументированности в изложении материала,– грубые ошибки в применении терминов и понятий,– отсутствие ответов на дополнительные вопросы.	
---	--

Типовые контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения

Примерные темы групповых практических работ, докладов

1. Информационные ресурсы и инструменты биоинформатики.
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

Перечень вопросов для экзамена.

- Вопрос 1. Основные понятия транскриптомики (ген, транскрипция, трансляция, геном, транскриптом).
- Вопрос 2. Последовательности ДНК, РНК, белков. Форматы представления данных.
- Вопрос 3. Базы данных геномной информации (UCSC, Ensembl, NCBI).
- Вопрос 5. Форматы геномных данных (FASTA, gtf, gff, bed).
- Вопрос 6. Выравнивание последовательностей. Сходство последовательностей. Гомология.
- Вопрос 7. Программа BLAST.
- Вопрос 8. Функции генов. Функциональная аннотация генов. Генная онтология.
- Вопрос 9. Генные сети.
- Вопрос 10. База данных EST. Полногеномные данные по экспрессии генов. Технология ДНК-микрочипов. Базы полногеномных данных по экспрессии генов.
- Вопрос 11. Принципы высокопроизводительного секвенирования. Платформы для высокопроизводительного секвенирования. Особенности различных платформ.
- Вопрос 12. Высокопроизводительное секвенирование транскриптома. Подготовка библиотеки кДНК. Одиночные, парные и цепь-специфичные прочтения. Разновидности высокопроизводительного секвенирования транскриптома (RNA-seq, miRNA-seq, и пр.).
- Вопрос 13. Формат данных высокопроизводительного секвенирования. Конвертация данных. Основные информационные ресурсы по транскриптомным данным.
- Вопрос 14. Ошибки секвенирования и качество прочтений. Программы и алгоритмы оценки качества прочтении. Коррекция ошибок.
- Вопрос 15. Основные задачи анализа транскриптома.
- Вопрос 16. Общее описание конвейера для обработки транскриптомных данных. Конвейерные системы (Galaxy и пр.).
- Вопрос 17. Задача картирования прочтений на геном. Алгоритм хэширования. Программы, реализующие данный алгоритм.
- Вопрос 18. Задача картирования прочтений на геном. Алгоритм Бэрроуза-Уилера. Программы, реализующие данный алгоритм.
- Вопрос 19. Форматы записи данных картирования (SAM/BAM).
- Вопрос 20. Особенности картирования транскриптомных последовательностей. Программы для картирования транскриптомных данных (TopHat, STAR).
- Вопрос 21. Оценка качества картирования транскриптомов.
- Вопрос 22. Покрытие (глубина секвенирования). Контроль качества секвенирования на

основании аннотации генома.

- Вопрос 23. Оценка уровня экспрессии генов. Подсчет прочтений. Методы нормировки.
- Вопрос 24. Сравнение уровней экспрессии генов на уровне транскриптома. Особенности статистического анализа.
- Вопрос 25. Основные программы для анализа дифференциальной экспрессии генов. Выбор программы в зависимости от дизайна биологического эксперимента.
- Вопрос 26. Оценка вариаций изоформ генов.
- Вопрос 27. Многомерный анализ данных по экспрессии генов: кластеризация, анализ главных компонент, корреляция экспрессии генов.
- Вопрос 28. Задача сборки последовательностей de novo. Жадный алгоритм сборки контигов.
- Вопрос 29. Задача сборки последовательностей de novo. Алгоритм сборки контигов на основе построения графа перекрытий.
- Вопрос 30. Задача сборки последовательностей de novo. Алгоритм сборки контигов на основе построения графа де Брёйна.
- Вопрос 31. Особенности сборки транскриптомных последовательностей. Программы сборки транскриптомов (Trinity, Velvet).
- Вопрос 32. Оценка качества сборки транскриптомных данных.
- Вопрос 33. Оценка экспрессии генов по данным de novo сборки транскриптома.
- Вопрос 34. Аннотация транскриптомных последовательностей. Выравнивание на геном. Поиск гомологов, идентификация доменов.
- Вопрос 35. Аннотация транскриптомных последовательностей. Поиск открытых рамок считывания. Конвейер Trinotate.
- Вопрос 36. Аннотация транскриптомных последовательностей. Анализ генных онтологий.

Оценочные материалы по промежуточной аттестации (приложение 2), предназначенные для проверки соответствия уровня подготовки по дисциплине требованиям ФГОС, хранятся на кафедре-разработчике РПД в печатном и электронном виде.

**Лист актуализации рабочей программы дисциплины
«Компьютерная транскриптомика»**

№	Характеристика внесенных изменений (с указанием пунктов документа)	Дата и № протокола Ученого совета ФЕН	Подпись ответственного