

Аннотация межфакультетского курса «Биоинформатика»

(осенний семестр 2015)

А.В.Алексеевский, М.С.Гельфанд, А.В.Головин, А.С.Карягина, А.А.Миронов,
С.А.Спирин

Цель курса — дать представление о том, что такое биоинформатика. Поскольку основные данные, которые используются в биоинформатике – молекулярно-биологические, то курс будет включать в себя краткое изложение необходимых для понимания фактов из молекулярной биологии. Будут рассказаны некоторые примеры применения биоинформатики в медицине, биотехнологии, изучении истории человечества. Будет рассказано об источниках данных для компьютерного анализа, а именно, о современных подходах к секвенированию (определению нуклеотидной последовательности) геномов и к определению трехмерных структур макромолекул (белков, ДНК, РНК) и их комплексов друг с другом и другими молекулами. В конце курса будет дан краткий обзор алгоритмов биоинформатики.

Программа курса

1. ДНК. Геномы. Разнообразие геномов. Сравнение геномов.
2. Гены и белки. Сравнение последовательностей. Консервативность белков.
3. Реконструкция прошлого путем сравнения ДНК
4. Геномные различия между людьми. Биоинформатика в изучении происхождения человека и истории народов. Компьютерный анализ наследственных болезней
5. Что может дать сравнение геномов бактерий или вирусов
6. Как создать новый белок с желаемыми свойствами
7. Как создать бактерию с желаемыми свойствами
8. Хемоинформатика и создание новых лекарств
9. Не только гены: эпигеномика
10. Секвенирование ДНК и расшифровка 3D структур белков
11. “Сумма биоинформатики” (немного об алгоритмах)

Примерные вопросы к зачёту

1. Как и зачем сравнивают геномы?

2. Визуализация пространственных структур макромолекул
3. Компьютерные методы, используемые при разработке лекарств
4. Примеры использования биоинформатики для изучения наследственных заболеваний
5. Примеры использования биоинформатики для изучения инфекционных заболеваний
6. Примеры использования биоинформатики в биотехнологии
7. Биоинформатика и история человечества
8. Что такое эпигеномика?
9. Методы секвенирования ДНК
10. Какие вы знаете алгоритмы биоинформатики?