

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Лиховиц Андрей Александрович

Должность: И.о. декана медико-биологического факультета

Дата подписания: 10.06.2024 13:56:06

Уникальный программный ключ:

842008d9d07ceade57ed427a05fd21c9bdc6cab6

Наименование дисциплины	ИТ-технологии для высокопроизводительного секвенирования
Краткое содержание	Методы определения последовательности нуклеиновых кислот. Методы, основанные на детекции сигнала от множества одинаковых молекул ДНК (методы с предварительной амплификацией фрагментов ДНК). Методы, основанные на детекции сигнала от одной молекулы ДНК (секвенирование одиночных молекул ДНК). Технологии создания библиотек фрагментов ДНК для NGS. Очистка нуклеиновых кислот для NGS. Оценка концентрации нуклеиновых кислот и полногеномная амплификация (WGA). Способы разрушения ДНК для приготовления библиотеки. Оценка длин фрагментов ДНК. Присоединение адаптеров. Технологии создания библиотек фрагментов ДНК для NGS. Предварительная амплификация библиотеки. Отбор фракции фрагментов нужной длины (size-select). Мечение смешиваемых образцов специфичными адаптерами («штрих-кодирование»). Клональная амплификация фрагментов ДНК. Типы библиотек фрагментов ДНК для NGS. Коммерческие технологии высокопроизводительного секвенирования. Технология 454 Life Sciences компании Roche (эмульсионная ПЦР + пиросеквенирование). Технология SOLiD компании Life Technologies Thermo Fisher Scientific (эмульсионная ПЦР + секвенирование лигированием). Illumina Genome Analyser компании Illumina (мостиковая ПЦР + секвенирование синтезом). Коммерческие технологии высокопроизводительного секвенирования. Платформы Ion PGM и Ion Proton компании Life Technologies Thermo Fisher Scientific (эмульсионная ПЦР + полупроводниковое секвенирование). Платформа PacBio компании Pacific Biosciences (секвенирование синтезом одиночных молекул). Платформа Heliscope компании Helicos Biosciences (секвенирование синтезом одиночных молекул). Общие принципы обработки данных NGS. Оценка качества первичных данных. Сборка геномов de novo. Алгоритмы сборки. Аппаратные и биологические особенности данных NGS. Объединение контигов в скэффолды. Вариации в близкородственных геномах. Картирование прочтений при повторном секвенировании. Общие принципы обработки данных NGS. Поиск однонуклеотидного полиморфизма (SNP). Поиск структурных вариаций: протяженных вставок, делеций, инверсий и транслокаций. Аннотация обнаруженных вариаций с использованием баз данных. Предсказание функциональных и клинически значимых изменений белка на основе обнаруженных мутаций. Оборудование и программные решения для обработки данных NGS. Локальные центры обработки данных NGS: архитектура и программные решения. Программное обеспечение для локального центра обработки данных NGS. Сетевые сервисы и простые решения для обработки данных NGS. Специализированные проекты по обработке данных NGS. Планирование эксперимента с использованием NGS. Общие принципы планирования биологических экспериментов. Рандомизация в NGS. Повторности в NGS. Основные типы ошибок при секвенировании. Варианты применения NGS. Секвенирование индивидуальных геномов и транскриптомов прокариот. Роль NGS в микробиологии. История секвенирования бактериальных геномов. Определение полной последовательности бактериального генома de novo. Секвенирование индивидуальных геномов и транскриптомов прокариот. Пример протокола секвенирования образца бактериальной ДНК. Анализ данных геномного секвенирования бактерий. Секвенирование транскриптома прокариот. Исследование микробных сообществ методами NGS. Очистка ДНК для метагеномных исследований. Анализ микробного сообщества секвенированием ампликонов. Метагеномное секвенирование. Исследование микробных сообществ методами NGS. Биоинформатический анализ данных метагеномного секвенирования. Комбинированный алгоритм анализа таксономического состава сообщества. Сравнение метагеномов между собой. Метатранскриптом. Секвенирование геномов эукариот. Общие аспекты секвенирования сложных геномов. Секвенирование эукариотических геномов de novo. Повторное секвенирование (ресеквенирование). Фазирование при ресеквенировании диплоидных геномов. Секвенирование генома отдельной клетки. Секвенирование транскриптомов эукариот.

	Применение NGS для исследования РНК. Общие моменты очистки РНК и синтеза кДНК. Секвенирование транскриптомов эукариот. Ферменты для обратной транскрипции. Подготовка библиотеки кДНК для NGS. Повышение концентрации определенных последовательностей в библиотеке для NGS (таргетное секвенирование). Параметры методов целевого обогащения. Обогащение библиотеки фрагментов ДНК только на основе ПЦР. Обогащение библиотеки фрагментов ДНК при помощи гибридизации с пробой. Обогащение при помощи гибридизации в растворе с отбором методом ПЦР (инвертированные молекулярные пробы). Обогащение библиотеки белок-связывающими последовательностями хроматина (ChIP-Seq). Применение высокопроизводительного секвенирования в медицинской практике. Генетическое тестирование с использованием NGS. Исследование патогенов и микробиома человека.
Результаты освоения дисциплины	Готовность решать задачи и реализовывать проекты в области биологии Способность применять современные информационные технологии для решения задач профессиональной деятельности
Трудоемкость, з.е.	4
Формы отчетности	Зачет с оценкой
Перечень основной и дополнительной литературы, необходимой для освоения дисциплины	
Основная литература	1. NGS: высокопроизводительное секвенирование / Д. В. Ребриков, Д. О. Коростин, Е. С. Шубина, В. В. Ильинский; под общей редакцией Д. В. Ребрикова. - 3-е изд. - Москва: Лаборатория знаний, 2020. - 235 с. - ISBN 978-5-00101-654-0. - Текст: электронный // Лань: электронно-библиотечная система. - URL: https://e.lanbook.com/book/151534 (дата обращения: 12.04.2023). - Режим доступа: для авториз. пользователей. 2. Основы генетики: учебное пособие / составители Е. В. Кукушкина, И. А. Кукушкин. - 2-е изд. - Комсомольск-на-Амуре, Саратов: Амурский гуманитарно-педагогический государственный университет, Ай Пи Ар Медиа, 2019. - 145 с. - ISBN 978-5-85094-490-2, 978-5-4497-0138-1. - Текст: электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART: [сайт]. - URL: https://www.iprbookshop.ru/85823.html 3. Нахаева, В.И. Практический курс общей генетики: учебное пособие для студентов биологических специальностей педагогических высших учебных заведений: [16+] / В. И. Нахаева. – 4-е изд., стереотип. – Москва: ФЛИНТА, 2021. – 210 с. – Режим доступа: по подписке. 4. Генетика: учебное пособие / М. Н. Ситников, З. И. Боготова, М. М. Биттуева [и др.]. - Нальчик: Кабардино-Балкарский государственный университет им. Х.М. Бербекова, 2019. - 119 с. - Текст: электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART: [сайт]. - URL: https://www.iprbookshop.ru/110223.html. 5. Асанов, А. Ю. Основы генетики: учебник для вузов / А.Ю. Асанов, Н.С. Демикова, В.Е. Голимбет. – Москва: Академия, 2012. – 281, [1] с: ил.; 22. – (Высшее профессиональное образование. Психолого-педагогическое образование. Бакалавриат). – Библиогр.: с. 267. – ISBN 978-5-7695-8801-3.
Дополнительная литература	1. Костерин, О. Э. Основы генетики. В 2 частях. Часть 1. Основные понятия, определение пола и смежные вопросы, генетическая рекомбинация: учебник для СПО / О.Э. Костерин; под редакцией В.К. Шумного. - Саратов, Москва: Профобразование, Ай Пи Ар Медиа, 2020. - 408 с. - ISBN 978-5-4488-0792-3, 978-5-4497-0453-5. - Текст: электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART: [сайт]. - URL: https://www.iprbookshop.ru/96019.html 2. Костерин, О.Э. Основы генетики. В 2 частях. Часть 2. Хромосомные перестройки, полиплоидия и анеуплоидия, мобильные генетические элементы и генетическая трансформация, генетика количественных признаков и популяционная генетика: учебник для СПО / О. Э. Костерин; под редакцией В. К. Шумного. - Саратов, Москва: Профобразование, Ай Пи Ар Медиа, 2020. - 246 с. - ISBN 978-

	5-4488-0793-0, 978-5-4497-0454-2. - Текст: электронный // Цифровой образовательный ресурс IPR SMART: [сайт]. — URL: https://www.iprbookshop.ru/96020.html 3. Рубан, Э.Д. Генетика человека с основами медицинской генетики: учебник / Э.Д. Рубан; отв. ред. Д.В. Волкова. – Ростов-на-Дону: Феникс, 2020. – 319 с.: ил. – (Среднее медицинское образование). – Режим доступа: по подписке. – URL: https://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=601619
--	---