|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **№** | **Темы лабораторных занятии** | **Объем**  **часы** |
| **1** | Ознакомление с современными биоинформационными базами данных. | **4** |
| **1.1** | Знакомство с NCBI. Поиск данных в базе, загрузка файлов.  Знакомство с языком программирования Python. Знакомство с библиотекой Biopython. Создание объекта Seq, репликация, транскрипция, трансляция объекта Seq. | [Lab1\_1](https://github.com/KhondamirRustamov/bioinformatics301/blob/main/lab1/Lab1_Introdu%D1%81tion_to_Biopython_and_Python_part1.ipynb) |
| **1.2** | Знакомство с языком программирования Python. Поиск мотивов ДНК и белка. Поиск старт и стоп кодонов в последовательности. | [Lab1\_2](https://github.com/KhondamirRustamov/bioinformatics301/blob/main/lab1/Lab1_Introdu%D1%81tion_to_Biopython_and_Python_part2.ipynb) |
| **2** | Работа с базами данных, содержащих информацию по первичной структуре биологических макромолекул (например PubMed). | **4** |
| **2.1** | Знакомство с библиотекой Biopython: знакомство с файлами записи биологических последовательностей: fasta. | Lab2\_1 |
| **2.2** | Знакомство с библиотекой Biopython: загрузка последовательностей из базы NCBI с помощью Biopython, чтение файлов, запись файлов. | Lab2\_2 |
| **3** | Поиск открытой рамки считывания. Расчет рамки считывания. | **4** |
| **3.1** | Знакомство с языком программирования Python. Функции и классы. Написание функции для нахождения открытой рамки считывания. | Lab3 |
| **3.2** | Задача 1. Написание функции для определения сайтов рестрикции внутри открытой рамки считывания. | Lab3 |
| **4** | Последовательность аминокислот. Сравнение последовательностей с помошью программы BLAST. | **4** |
| **4.1** | Знакомство с механизмами выравнивания нуклеотидных последовательность. Знакомство с онлайн версией программы BLAST. |  |
| **4.2** | Задача 2. Определение ближайших гомологов генов с помощью программы BLAST. |  |
| **5** | Сравнение последовательностей нуклеотидов с помошью программы BLAST. | **4** |
| **5.1** | Знакомство со сборкой генома. Алгоритмы сборки секвенированных данных |  |
| **5.2** | Задача 3. Написание функции для сборки последовательных/непоследовательных к-меров ДНК / Предсказание функций и структуры белков данных нуклеотидных последовательностей. | Lab5 |
| **6** | Множественное выравнивание и создание филогенетического дерева. Программы Clustal W и T-Coffee. | **4** |
| **6.1** | Знакомство с молекулярной филогенетикой и филогенетическими деревьями. Алгоритмы построения филогенетических деревьев |  |
| **6.2** | Построение филогенетического дерева на основе молекулярных данных на программе Clustal-W и MEGA |  |
| **7** | Работа в программе RasMol и база данных PDB. | **4** |
| **7.1** | Знакомство с базой данных PDB, загрузка файлов с базы данных. Визуализация .pdb файлов с помощью библиотеки py3Dmol на языке программирования Python. | Lab7\_1 |
| **7.2** | Знакомство с инструментами предсказания третичной структуры белка: AlphaFold2 и RosettaFold. Предсказание третичной структуры неизвестного белка по аминокислотной последовательности. | Lab7\_2 |
| **Итого** | | **28 час** |