



סילבוס קורס

שם הקורס בעברית: יסודות בגנומיקה חישובית

שם קורס באנגלית: Basic Concepts in Computational Genomics

מס' קורס: 202-1-5731

סוג קורס: קורס בחירה

נק"ז: 4.0

מרצה הקורס: פרופ' מיכל זיו-יוקלסון

דרישות קדם: תכנון אלגוריתמים

מטרת ונושא הקורס

רקע מדעי: בפרויקט הגנום האנושי שוחזרו כל (או כמעט כל) בסיסי ה-D.N.A. המהווים את החומר התורשתי האנושי. שיחזור הגנום של אורגניזמים רבים אחרים הסתיים או נמצא בתהליכי סיום, ופרויקט ריצוף ומיפוי גנומים של יצורים רבים אחרים נמשכים בקצב מואץ. ביו-טכנולוגיות חדישות מייצרות כמויות אדירות של מידע, אשר לא ניתן לנתח אותו ידנית. כל אלו הובילו להתפתחות דיסציפלינה מדעית חדשה בשם גנומיקה חישובית, המשלבת שיטות מתחומי מדעי המחשב, סטטיסטיקה, מתמטיקה, ותחומים ביולוגיים שונים.

דוגמאות לשאלות הנשאלות כיום על ידי מדעני גנומיקה חישובית: מהם תפקידיה הפוטנציאליים של אנליזה גנומית ב"שדכנות מושכלת" ובתכנון הורות? כיצד משפיעים (לטובה ולרעה) חיידקי מעיים על בריאותנו והתנהגותנו? כיצד ניתן לזהות גנים מחוללי-מחלות בגנום אנושי? מהן פריצות הדרך ברפואה מותאמת-אישית (וכמו כן כמובן גהסיכונים בביו-טרור) אליהם אנו נחשפים כיום בעקבות טכנולוגיות חדשניות לקריאה ולכתיבה של גנומים? האם האדם הניאו-אנדרטלי הינו אחד מהאבות הקדמונים של האדם המודרני? מתי וכיצד עבר וירוס ה-HIV (מחולל ה-AIDS) מחיות לאדם? כיצד סייעו עצי אבולוציה של רצפים גנומיים בתור עדות מפלילה בבתי משפט?

אבל מה בעצם נלמד בקורס?: בקורס זה נתרכז בהיבטים האלגוריתמיים של משימות חישוביות שונות באנליזה של רצפים גנומיים. נלמד אלגוריתמים לביצוע משימות אלו ונדון באפליקציות הביולוגיות והרפואיות להן הם משמשים. הנושאים החשובים כוללים תכנון דינאמי להעמדת רצפים ולחיפוש גנים, אלגוריתמים לגילוי מוטיפים במחרוזות וגרפים, אלגוריתמים לחיזוי מבני של רצפי RNA ולהושאת מבנים אלו, גישות חישוביות לבניית עצים אבולוציוניים, ועוד.

במה מועילות השיטות החישוביות הנלמדות בקורס למי שאינו מתכוון להתפרנס בעתיד מאנליזה גנומית חישובית? אז קודם כל, האלגוריתמים והשיטות החישוביות הנלמדות בקורס הינם רלוונטים ומועילים גם בהקשרים כלליים ונרחבים יותר של כריית מידע ועיבוד נתונים.

ובנוסף, לדעתי הידע הבסיסי בגנומיקה חישובית הניתן בקורס נחוץ כיום לכולנו בכדי לשפר את בריאותנו ואיכות חיינו בצורה מושכלת -- בעיקר לאור המעבר המתרחש כיום לרפואה מותאמת-אישית ומבוססת גנומים. שימו לב שאין צורך ברקע ביולוגי מקדים בכדי להבין את האפליקציות אשר נלמד בקורס -- הדגש בקורס הינו אלגוריתמי, וכל הרקע הביולוגי הנחוץ להבנת המוטיבציה לאלגוריתמים אלו יינתן במסגרת השיעור.

How different is human from chimp? How does the DNA of gut microbes affect your health and behavior (both positively and negatively)? How can disease-related genes be identified in human genomes? What are the benefits (e.g. to personalized medicine) and the hazards (e.g. via bio-terrorism) introduced by new technologies that allow us to read and to write a genome? Can we improve the success of match-making and parental-planning based on computational analysis of the genomes of potential parents? Did the Anatomically Modern Human (e.g. us) evolve from the

Neanderthals? When and how did HIV (the virus causing AIDS) pass from animals to humans? How were evolutionary tree construction algorithms applied to resolve a criminal cases of malicious infection? What are the cellular machines yielded by folded genomic sequences and how are they regulated? These questions and many more are asked and answered by computational genomics scientists. This course provides comprehensive education in computational methods for analyzing DNA, RNA, and protein data, with explanations of the underlying algorithms, the advantages and limitations of each method, and strategies for their application to biological problems. The algorithmic material includes pairwise sequence alignment, gene finding, phylogenetic tree reconstruction, RNA structure prediction, motif discovery, and more.

Textbooks

Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology)

Dan Gusfield. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology

מרכיבי ציון הקורס

עבודות בית (50% מהציון) ומבחן (50% מהציון)