

RTU studiju kurss "Ģenētika un genomika"

32000 Dabaszinātņu un tehnoloģiju fakultāte

Vispārējā informācija

Kods	LUK705
Nosaukums	Ģenētika un genomika
Studiju kursa statuss programmā	Obligātais/Ierobežotās izvēles
Atbildīgais mācītspēks	Tālis Juhna - Doktors, Rektors
Mācītspēks	Iveta Lauva - Zinātniskais asistents
Apjoms daļās un kredītpunktos	1 daļa, 6.0 kredītpunkti
Studiju kursa īstenošanas valodas	LV, EN
Anotācija	Studiju kursu īsteno Latvijas Universitātē, kursa izstrādātājs ir Nils Rostoks. Studiju kursā studenti apgūs iemaņas darbā ar dažādām bioloģiskās informācijas datubāzēm un bioinformātikas programmām, kas saistītas ar nukleīnskābju un aminoskābju sekvenču daudzskaitļu salīdzināšanu, homologijas meklēšanu un filoģenētisko analīzi. Mērķa sasniegšanai studenti papildus teorētiskās studiju kursa daļas apgūšanai piedalīsies semināros un patstāvīgi risinās specifiskus, ar bioloģiskās informācijas iegūvi un analīzi saistītus uzdevumus. Pilnu studiju kursu skatīt: https://www.lu.lv/studijas/studiju-celvedis/programmu-un-kursu-katalogi/kursu-katalogs/?tx_lustudycatalogue_pi1[action]=detail&tx_lustudycatalogue_pi1[controller]=Course&tx_lustudycatalogue_pi1[course]=Biol2052
Mērķis un uzdevumi, izteikti kompetencēs un prasmēs	Studiju kursa mērķis ir nodrošināt iespēju studentiem iegūt pamatzināšanas par iedzimtības un mainības likumiem, iepazīstināt studentus ar genomu struktūru un bioinformātikas analīzes pamatiem. Studiju kursa uzdevumi: 1) iepazīstināt studentus ar bioinformātikas pamatiem bioloģisko sekvenču (virkņu) analīzei; 2) veicināt iemaņas patstāvīgi sameklēt un analizēt proteīnu un nukleīnskābju sekvenču izmantojot demonstrētās bioinformātikas metodes.
Patstāvīgais darbs, tā organizācija un uzdevumi	1. Patstāvīgi jāsagatavo prezentācija par ģenētikas sasniegumiem medicīnā vai augu un dzīvnieku selekcijā, kura jāparāda seminārā. 2. Jāsagatavo divi patstāvīgo darbu protokoli bioinformātikas un genomikas sadaļā. 3. Jāsagatavo divi testi par zinātniskajām publikācijām ģenētikas jomā un divi testi par zinātniskajām publikācijām genomikas un bioinformātikas jomā. 4. Patstāvīgi jāatrisina bioinformātikas uzdevums, kas saistīts informācijas meklēšanu datubāzēs, homologijas meklēšanu un sekvenču salīdzināšanu. Jāsagatavo prezentācija par uzdevuma risinājumu. 5. Izmantojot mācību materiālus jāsagatavo noslēguma pārbaudījumam.
Literatūra	Obligātā / Obligatory: 1) Brooker R.J. 2018. Genetics: Analysis and Principles. 6th ed. McGraw-Hill Education, New York. 2) Lesk A.M. 2005. Introduction to Bioinformatics. 2nd ed. Oxford University Press, New York. 3) Lesk A.M. 2008. Introduction to Bioinformatics. 3rd ed. Oxford University Press, New York. 4) Lesk A.M. 2014. Introduction to Bioinformatics. 4th ed. Oxford University Press, New York. 5) Lesk A.M. 2017. Introduction to Genomics. 3rd ed. Oxford University Press, New York. Papildus / Additional: 1) Hall B.G. 2004. Phylogenetic Trees Made Easy. A How-To Manual. 2nd ed. Sinauer, Sunderland. 2) Lesk AM 2007. Introduction to Genomics. Oxford, New York. 3) Lesk AM 2017. Introduction to Genomics. 3rd Ed. Oxford, New York. Citi informācijas avoti / Other sources of information: 1) A Brief Guide to Genomics. https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/A-Brief-Guide-to-Genomics . 2) Bioinformatics, https://academic.oup.com/bioinformatics . 3) Bioinformātika, Latvijas Nacionālā enciklopēdija, https://enciklopedija.lv/skirklis/6649 . 4) Genomics, Journal, Elsevier, https://www.journals.elsevier.com/genomics . 5) Genomika, Latvijas Nacionālā enciklopēdija, https://enciklopedija.lv/skirklis/6682-genomika . 6) Nucleic Acids Research, annual database issue, https://academic.oup.com/nar/issue/47/D1 .
Nepieciešamās priekšzināšanas	Studiju kursam priekšzināšanas nav nepieciešamas.

Studiju kursa saturs

Saturs	Pilna un nepilna laika klātienē studijas		Nepilna laika neklātienē studijas	
	Kontakt stundas	Patstāv. darbs	Kontakt stundas	Patstāv. darbs
Ģenētikas un genomikas pamatjēdzieni. Mendeļa iedzimtības likumi.	4	6	0	0
Iedzimtības hromosomālais un molekulārais pamats. Citoģenētika. Kariotips.	2	3	0	0
Gēnu darbība. Genotips, fenotips un vides mijiedarbības. Gēnu mijiedarbības. Epiģenētika. Imprinting.	6	9	0	0
Gēnu kartēšana. Saistība un rekombinācija. Saistības kartes. Ģenētiskās analīzes pamati.	6	9	0	0
Baktēriju un bakteriofāgu ģenētika. Konjugācija, transformācija, transdukcija.	2	3	0	0

Kvantitatīvās pazīmes un to kartēšana.	2	3	0	0
Populāciju ģenētika. Ģēni un to alēles populācijās. Asociāciju kartēšana. Nelīdzsvarotā saistība	2	3	0	0
Ģenētikas pielietojamie aspekti. Medicīniskā ģenētika. Augu un dzīvnieku selekcija.	4	6	0	0
Seminārs. Izvēlēti ģenētikas pielietojamie aspekti.	8	12	0	0
Bioinformātikas jēdziens. Bioloģiskās informācijas daudzveidība un apjoms. Genomu organizācija un evolūcija. Salīdzinošā genomika. Genomu anotācija.	4	6	0	0
Bioloģiskās informācijas datubāzes. Informācijas meklēšanas un iegūšanas sistēmas.	2	3	0	0
Informācijas meklēšana un analīze NCBI un EMBL-EBI datubāzēs.	4	6	0	0
Nukleīnskābju un proteīnu sekvenču līdzības pamatprincipi. Sekvenču pāru un daudzkārtējais sekvenču salīdzinājums. Dažādas salīdzināšanas metodes, to priekšrocības un pielietošanas nosacījumi.	2	3	0	0
Filoģenētiskā analīze. Klāsteru un kladistisko metožu pielietojums filoģenētisko koku konstruēšanā.	4	6	0	0
Noteiktu nukleīnskābju un aminoskābju sekvenču meklēšana publiskās datubāzēs. Sekvenču salīdzināšana ar BLAST un CLUSTAL rīkiem. Filoģenētiskā analīze.	4	6	0	0
Seminārs. Uzdevumu rezultātu prezentācija par tēmām, kas saistītas ar genomu struktūru, homoloģijas meklēšanu un sekvenču salīdzināšanas metodēm.	8	12	0	0
Kopā:	64	96	0	0

Sasniedzamie studiju rezultāti un to vērtēšana

Sasniedzamie studiju rezultāti	Rezultātu vērtēšanas metodes
Izprot ģenētikas pamatteorijas; pārzina genomu struktūru, evolūciju un salīdzinošo genomiku; izprot bioinformātikas jomu un bioloģiskās informācijas apjomu un daudzveidību.	4 testi par zinātnisko publikāciju.
Izprot bioloģisko virkņu (sekvenču) līdzības pamatprincipus un salīdzināšanas metodes; izprot filoģenētiskās analīzes pamatus.	4 testi par zinātnisko publikāciju.
Prot veikt vienkāršu ģenētisko analīzi; izmantot biežāk pielietotās bioloģiskās informācijas datubāzes konkrētas informācijas meklēšanai un iegūšanai; izmantot virkņu (sekvenču) pāru un daudzkārtējo salīdzinājumu homologo sekvenču meklēšanai un analīzei.	2 praktiskā darba protokoli. Semināra prezentācija ģenētikā. Semināra prezentācija genomikā un bioinformātikā. Rakstisks eksāmens.
Spēj iepazīt un izvērtēt zinātnisko literatūru ģenētikas jomā un novērtēt ģenētikas sasniegumu pielietojumu medicīnā un selekcijā; izmantot iegūtās zināšanas un prasmes patstāvīgai bioinformātikas uzdevumu risināšanai.	Semināra prezentācija ģenētikā. Semināra prezentācija genomikā un bioinformātikā. Rakstisks eksāmens.
Spēj darba vadītāja vadībā kritiski izvērtēt un plānot noteiktu bioinformātikas datubāžu un rīku izmantošanu pētījuma veikšanai.	Semināra prezentācija ģenētikā. Semināra prezentācija genomikā un bioinformātikā. Rakstisks eksāmens.

Studiju rezultātu vērtēšanas kritēriji

Kritērijs	% no kopējā vērtējuma
Tests par zinātnisko publikāciju 1	5
Tests par zinātnisko publikāciju 2	5
Tests par zinātnisko publikāciju 3	5
Tests par zinātnisko publikāciju 4	5
Praktiskā darba protokols 1	10
Praktiskā darba protokols 2	10
Semināra prezentācija ģenētikā	20
Semināra prezentācija genomikā un bioinformātikā	20
Rakstisks eksāmens	20
Kopā:	100

Studiju kursa plānojums

Daļa	KP	Stundas			Pārbaudījumi		
		Lekcijas	Prakt d.	Laborat	Ieskaite	Eksām.	Darbs
1.	6.0	3.0	1.0	0.0		*	