# 

# DNA ja valkude järjestuste analüüs bioinformaatikas

# *TÜ teaduskooli e-kursus Moodle’i keskkonnas*

# See kursus on Sulle, kui

* õpid gümnaasiumiastmes
* tunned huvi bioloogia, geneetika ja arvutianalüüside vastu
* tahad uurida bioloogiliste järjestuste omadusi
* tahad valmistuda bioloogiaolümpiaadiks

**Kursuse eesmärgiks** on tutvustada õpilastele moodsaid ja praktilisi meetodeid, mille abil saab kindlaks määrata geenide või valkude funktsiooni, ise organismi genoomi kokku panna ja uurida järjestuste põlvnemist.

Kursus toetab gümnaasiumi õppekava loodusainete kohustuslikke kursusi „Pärilikkus“, „Evolutsioon ja ökoloogia“ ja valikkursust „Rakendusbioloogia“.

# Õpiväljundid

# Kursuse läbinud õpilane

# mõistab, kuidas määratakse nukleotiidide järjekord genoomides ja geenides;

* saab aru, kuidas ja millises formaadis hoitakse bioloogilisi järjestusi andmebaasides;
* suudab kirjeldada levinuimaid metoodikaid, mille abil genoomijärjestusi pärast järjestamist kokku pannakse;
* oskab otsida ja salvestada andmebaasidest huvitava liigi genoomi-, geeni või valgujärjestusi;
* teab, millist bioloogilist informatsiooni järjestused endas peidavad ja kuidas seda arvuti abil leida;
* on tutvunud, kuidas võrrelda erinevate liikide sama rolli täitvaid järjestusi ja leida tekkinud erinevusi ehk mutatsioone;
* oskab määrata tundmatu valgujärjestuse funktsiooni ning esinemise ulatust kogu eluslooduse liikides;
* oskab tuvastada genoomse järjestuse põhjal, millise leviva viiruse tüvega on tegemist.

|  |  |
| --- | --- |
| Ainekood | P2TP.TK.120 |
| Kursuse maht | 3 EAP, 78 akadeemilist tundi |
| Sihtrühm | 10.-12. klassi õpilased |
| Kursuse piirarv | 50 õpilast |
| Õppejõud | Reidar Andreson, PhD (bioinformaatika); Age Brauer, PhD (bioinformaatika) |
| Osavõtutasu õpilastele | 30 eur |
| Tulumaksutagastus füüsilisest isikust maksjale | Ei |
| Õpetamise aeg | 2025/2026. õ.-a., **alates 6. oktoober 2025** |
| Õppetöö vorm | Õppetöö toimub TÜ Moodle e-õppe keskkonnas |
| Hindamise vorm ja lõpetamise tingimused | Mitteeristav (arvestatud, mittearvestatud);  Hinnatavad tööd: testid, kohustuslikud praktilised ülesanded  Iga mooduli läbimiseks tuleb sooritada test maksimaalsele tulemusele ning lahendada kohustuslikud praktilised ülesanded  Tunnistuse saamiseks tuleb läbida vähemalt kuus moodulit kaheksast |
| **Sisu lühikirjeldus** | 1. Kuidas tehakse kindlaks geenide ja genoomide järjestused?  2. Kuidas andmebaasidest järjestusi leida ja alla laadida?  3. Kuidas genoomijärjestusi kokku panna?  4. Kuidas leida sarnast järjestust teistest genoomidest?  5. Millist bioloogilist informatsiooni järjestused endas peidavad?  6. Kuidas võrrelda korraga rohkem kui kahte järjestust?  7. Kuidas leida valgu funktsiooni rakus?  8. Mis on fülogeneetilised puud ja mille jaoks neid vaja on?  Iga teema juures on praktilised ülesanded, mille lahendamisel kasutatakse erinevaid veebitööriistu/andmebaase |