



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 meetodikaid, 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