

Цикл лекций ведущих ученых для студентов и аспирантов ИФМБ КФУ



Гельфанд Михаил Сергеевич

Профессор ФББ МГУ, зам.директора ИППИ
РАН, д.б.н., к.ф-м.н., зав.УИЦ
«Биоинформатика», г. Москва (h-index - 51)

**Лекции будут проходить: в 211 ауд, 013 ауд, 310 ауд Восточного крыла
Главного здания (12-15 апреля)**

Приглашаются все желающие!

Расписание на апрель 2017 года

12 апреля

10.10 ауд. 013

Функциональная аннотация. Gene Ontology. Гомология и сходство. Гомология доменов. Ортологи и паралоги.

15.20 ауд. 211

Пространственная структура и функциональное состояние хроматина.

Новые методы определения пространственной структуры хроматина в сопоставлении с эпигеномными транскриптомными данными показывают, что пространственно сближенные участки хроматина склонны находиться в одном и том же функциональном состоянии. Плотно упакованные участки, ТАДы

Кафедра биохимии и биотехнологии ИФМиБ КФУ

(топологически ассоциированные домены) обеднены активными гистоновыми метками, в них преимущественно располагаются тканеспецифичные гены. Участки между ТАДами активно транскрибируются.

13 апреля

(Встреча с ректором. Возможны изменения в программе, о которых будет сообщено на лекциях в понедельник)

10.10 ауд. 211

Сравнительная геномика. Ко-локализация. Филетические паттерны. Ко-регуляция. Примеры.

Пан-геномы. Универсальные и уникальные гены. Периферия и общая периферия. Видоспецифичные гены.

15.20 ауд. 310

Геномные перестройки и эволюция геномов.

Нуклеотидный состав лидирующей и запаздывающей цепи. Направление репликации и транскрипции. Идентификация старта репликации. Синтенные блоки. Реконструкция геномных перестроек. Полногеномные дупликации. Геномные перестройки при раке.

14 апреля

8.30 ауд. 013

Негеномные данные.

Транскриптомы. Двойная кластеризация (гены и условия). Временные ряды. ChIP-Seq. Эпигеномика. Пространственная структура хроматина. Проект ENCODE и его результаты.

13.35 Конференц-зал восточного крыла

Эволюция регуляторных взаимодействий у бактерий.

Сравнительный анализ большого количества геномов показывает удивительную пластичность транскрипционной регуляции у бактерий. Анализ семейств факторов транскрипции и узнаваемых ими мотивов в ДНК позволяет определить аминокислотные остатки, контактирующие с ДНК и определяющие

За дополнительной информацией обращаться к заведующей кафедрой биохимии и биотехнологии **Киямовой Рамзие Галлямовне**, kiyamova@mail.ru; тел.2337440

Кафедра биохимии и биотехнологии ИФМиБ КФУ

специфичность узнавания и, тем самым, изучать ко-эволюции транскрипционных факторов и сайтов их связывания.

15 апреля

10.10 ауд. 013

Сети.

Свойства природных графов. Распределение степеней вершин. Мотивы в графах.

Модели.

Балансовые модели: линейное программирование. Динамические модели: системы дифференциальных уравнений. Подбор параметров.

Консультации для магистрантов, аспирантов и т.д. (ауд 013В, 116В)

За дополнительной информацией обращаться к заведующей кафедрой биохимии и биотехнологии **Киямовой Рамзие Галлямовне, kiyamova@mail.ru; тел.2337440**