

ĐỀ CƯƠNG CHI TIẾT HỌC PHẦN

1. Tên học phần : Bộ Gen học và Ứng dụng (Advanced Genomics)

- Mã số học phần : CS306
- Số tín chỉ học phần : 02 tín chỉ
- Số tiết học phần : 30 tiết lý thuyết.

2. Đơn vị phụ trách học phần:

- Bộ môn : Công nghệ Sinh học Phân tử
- Khoa/Viện : Viện Nghiên cứu & Phát triển Công nghệ Sinh học.

3. Điều kiện tiên quyết: Sinh Hóa-CNSH (CS114); Sinh học Phân tử (CS102); Sinh học Đại cương A1 (TN025); Sinh học Đại cương A2 (TN028); Di truyền học cơ sở (CS124).

4. Mục tiêu của học phần:

4.1. Kiến thức:

Giúp sinh viên hiểu và nắm được các kiến thức cơ bản về :

- 4.1.1. Tổ chức bộ gen của sinh vật;
- 4.1.2. Nguyên lý sử dụng các dấu phân tử trong việc khám phá cấu trúc gen của sinh vật, và vẽ bản đồ gen;
- 4.1.3. Phương pháp xác định chức năng của gen và ứng dụng trong cải thiện giống.

4.2. Kỹ năng:

- 4.2.1. Hiểu và phân tích được bộ gen của loài;
- 4.2.2. Ứng dụng nghiên cứu và giải quyết các vấn đề liên quan đến bộ gen của sinh vật.
- 4.2.3. Biết cách phân tích dấu phân tử và đọc được kết quả sau khi phân tích. Đồng thời có được kỹ năng tự học suốt đời thông qua việc khai thác các thông tin hữu ích trên các trang web.

4.3. Thái độ:

- 4.3.1. Sinh viên được bảo đảm phát triển các thái độ về cách phê phán và nhận biết các giá trị thật, cũng như tinh thần làm việc nhóm trong nghiên cứu.
- 4.3.2. Xây dựng được phương pháp làm việc khoa học và tích cực.
- 4.3.3. Có được tinh thần trách nhiệm và tính trung thực trong việc trình bày kết quả phân tích.

5. Mô tả tóm tắt nội dung học phần:

Bộ gen học là môn học chuyên nghiên cứu về cấu trúc và chức năng các gen của sinh vật. Trong học phần này dấu phân tử được xem là công cụ hữu ích trong việc khám phá bộ gen sinh vật, chúng được xem phần cốt lõi trong học phần. Học thuyết Trung tâm Di truyền học phân tử do Watson và Crick đưa ra cho thấy mối quan hệ đồng tuyến tính giữa DNA và protein. Điều đó cũng cho thấy rõ gen mà đặc biệt là DNA chính là vật chất quyết định đến tính di truyền và biến dị ở sinh vật. Chính nhờ sự biến dị đó mà sinh vật đa dạng. Nguyên nhân của biến dị là do đột biến và tái tổ hợp. Biến dị là nguồn gốc giúp sinh vật thích nghi và tiến hóa.

6. Cấu trúc nội dung học phần:

Lý thuyết

| Nội dung | Số tiết | Mục tiêu |
|---|---------|---|
| Chương 1. Giới thiệu bộ gen học 1.1. Học Thuyết Trung Tâm của Di truyền học Phân tử 1.2. So sánh tổ chức và cấu trúc của bộ gen sinh vật 1.3. Kỹ thuật nghiên cứu bộ gen: động thái tái tổ hợp. 1.4. Tổ chức bộ gen của lục lạp 1.5. Tổ chức bộ gen của ty thể 1.6. Sự biểu hiện gen của sinh vật tiền và chân hạch | 3 | 4.1.1 4.2.1 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 2. Các dấu phân tử (phần I): Protein, RFLPs, PCR, RAPDs 2.1. Dấu phân tử là gì? 2.2. Dấu dựa trên protein: Isozymes và Allozymes 2.3. Dấu dựa vào DNA: dấu RFLPs 2.4. Các phương pháp dựa vào phản ứng PCR: các nhân tố ảnh hưởng đến sản phẩm PCR 2.5. Dấu RAPDs : nguyên lý và ứng dụng | 3 | 4.1.2 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 3. Các dấu phân tử (phần II): dấu SSRs và AFLPs 3.1. Dấu dựa vào DNA: Sequence-Tagged sites (STS) 3.1.1. Dấu ISSR : nguyên lý và ứng dụng 3.1.2. Các dấu SCARs và CAPs 3.2. Dấu SSRs và dấu fSSRs: nguyên lý và ứng dụng 3.3. Các dấu khác 3.4. Dấu AFLPs: nguyên lý và ứng dụng | 3 | 4.1.2 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 4. Các dấu phân tử (phần III): dấu SNPs 4.1. Dấu Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) là gì? 4.2. Dấu SNPs : ưu và nhược điểm 4.3. Tại sao phải thu thập SNPs? 4.4. Các bước thực hiện trong việc thu thập dữ liệu SNP: Khám phá (Discovery), Giá trị (Validation), và in dấu (Typing) 4.5. Các dấu LSOPs và ASOPs: nguyên lý và ứng dụng 4.6. Sự xác định SNP dựa vào trình tự chuỗi 4.7. Các ứng dụng của dấu SNPs: 4.7.1. Phát hiện gen Lipoxygenase ở đậu nành; 4.7.2. Khảo sát ESTs ở đậu nành 4.7.3. Khảo sát các gen kháng bệnh 4.7.4. Khảo sát gen <i>Waxy</i> ở Foxtail millet | 3 | 4.1.2 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 5. Dấu SNPs (tiếp theo) 5.1. Các chiến lược căn bản cho việc phát hiện SNP 5.2. Dấu Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP) | 3 | 4.1.2 4.2.1 4.2.2 |

| | | |
|---|---|---|
| 5.3. WebSNAPER 5.4. Các dấu CAPs và dCAPs: nguyên lý và ứng dụng 5.5. In dấu kiểu gen SNP ở hệ thống Luminex: DH, SBCE, ASPCR, OL | | 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 6. Đa dạng di truyền 6.1. Đột biến: định nghĩa, các dạng đột biến, sửa sai DNA đột biến 6.2. Đa dạng di truyền 6.2.1. Tổng quan 6.2.2. Các dấu di truyền 6.2.3. Đo đa dạng di truyền 6.2.4. Các giá trị độ dị hợp (Heterozygosity) 6.2.5. Các quá trình làm xói mòn đa dạng di truyền 6.2.6. Các ứng dụng | 3 | 4.1.3 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 7. Bản đồ di truyền 7.1. Bản đồ di truyền là gì? 7.2. Các dạng dấu cho vẽ bản đồ 7.3. Các dạng bản đồ 7.4. Các khái niệm: đơn vị bản đồ di truyền; Các điểm (Points) và các khoảng cách (Intervals); các quần thể vẽ bản đồ 7.5. Các bước trong việc vẽ bản đồ di truyền 7.6. Bản đồ QTLs 7.7. Nhân dòng vị trí (Positional Cloning): nhiễm sắc thể đi bộ (Chromosome walking); các gen ứng viên 7.8. Marker Assisted Selection (MAS) | 3 | 4.1.3 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 8. Liên kết không cân bằng (Linkage Disequilibrium) 8.1. Liên kết không cân bằng là gì? 8.2. Liên kết so với Liên kết không cân bằng 8.3. Liên kết không cân bằng được đo như thế nào? 8.4. Phân tích liên kết (Association Analysis) 8.5. Bản đồ QTLs- Phương pháp truyền thống 8.6. Bản đồ liên kết là gì? | 3 | 4.1.3 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |
| Chương 9. Di truyền thuận (Forward Genetics) 9.1. Quần thể đột biến quan trọng cho việc phân tích chức năng của gen 9.2. Các phương pháp tạo quần thể đột biến 9.2.1. Đột biến thêm đoạn 9.2.2. Đột biến mất đoạn 9.3. Nhân dòng Gen 9.4. Phân lập các gen từ quần thể đột biến thêm đoạn 9.4.1. Phương pháp cứu nguy Plasmid (Plasmid rescue) 9.4.2. Phương pháp PCR đảo (IPCR) 9.4.3. Phương pháp TAIL-PCR 9.5. Phân lập các gen từ quần thể đột biến mất đoạn hay từ nguồn tập đoàn giống: nhiễm sắc thể đi bộ. | 3 | 4.1.3 4.2.1 4.2.2 4.2.3 4.3.1 4.3.2 4.3.3 |

| | | | |
|--|----------|--------------|--------------|
| Chương 10. Di truyền ngược (Reverse Genetics) | 3 | 4.1.2 | |
| 10.1. Các phương pháp ấn định chức năng gen giả định của ESTs | | | 4.1.3 |
| 10.2. Các phương pháp khác | | | 4.2.1 |
| 10.3. Phân tích chức năng sinh học của các đột biến đã xác định | | | 4.2.3 |
| 10.4. Phương pháp phân lập các thể đột từ quần thể đột biến mất đoạn | | | 4.3.1 |

7. Phương pháp giảng dạy:

- Giảng, phân tích và giải thích phần lý thuyết trên lớp.
- Cung cấp thêm những bài tập tình huống, các câu hỏi bổ sung và thảo luận ở nhà...

8. Nhiệm vụ của sinh viên:

Sinh viên phải thực hiện các nhiệm vụ như sau:

- Tham dự tối thiểu 80% số tiết học lý thuyết.
- Tham gia đầy đủ 100% giờ thực hành và có báo cáo kết quả.
- Tham dự kiểm tra giữa học kỳ.
- Tham dự thi kết thúc học phần.
- Chủ động tổ chức thực hiện giờ tự học.

9. Đánh giá kết quả học tập của sinh viên:

9.1. Cách đánh giá

Sinh viên được đánh giá tích lũy học phần như sau:

| TT | Điểm thành phần | Quy định | Trọng số | Mục tiêu |
|----|----------------------------|--|----------|------------------------|
| 1 | Điểm chuyên cần | Số tiết tham dự học/tổng số tiết | 10% | 4.3 |
| 2 | Điểm kiểm tra giữa kỳ | - Thi trắc nghiệm xen kẽ tự luận (40~45 phút) | 30% | 4.1.1 đến 4.1.4; 4.2.1 |
| 3 | Điểm thi kết thúc học phần | - Thi trắc nghiệm xen kẽ tự luận (60 phút) - Tham dự đủ 80% tiết lý thuyết và 100% giờ thực hành - Bắt buộc dự thi | 60% | 4.1; 4.3; ... |

9.2. Cách tính điểm

- Điểm đánh giá thành phần và điểm thi kết thúc học phần được chấm theo thang điểm 10 (từ 0 đến 10), làm tròn đến một chữ số thập phân.
- Điểm học phần là tổng điểm của tất cả các điểm đánh giá thành phần của học phần nhân với trọng số tương ứng. Điểm học phần theo thang điểm 10 làm tròn đến một chữ số thập phân, sau đó được quy đổi sang điểm chữ và điểm số theo thang điểm 4 theo quy định về công tác học vụ của Trường.

10. Tài liệu học tập:

Thông tin về tài liệu

Số đăng ký cá biệt

- | | |
|--|--------------------|
| [1] Bài giảng về Bộ gen học và Ứng dụng (Handout) | Trang web của Viện |
| [2] Lesk, A.M., 2007. Introduction to Genomics. Oxford University Press | Thư viện của Viện |
| [3] Primrose, S.P., 2003. Principles of Genome Analysis and Genomics. 3 rd Edition, Blackwell Publishing. | Thư viện của Viện |

11. Hướng dẫn sinh viên tự học:

| Tuần | Nội dung | Lý thuyết (tiết) | Thực hành (tiết) | Nhiệm vụ của sinh viên |
|------|--|------------------|------------------|---|
| 1 | Chương 1. Giới thiệu bộ Gen học 1. Cấu trúc và Chức năng bộ Gen 2. Cấu trúc tổ chức bộ gen thực vật 3. Cấu trúc bộ gen lục lạp 4. Cấu trúc bộ gen ty thể | 3 | 0 | Đọc Chương 1 và Chương 2 [Tài liệu 2]; Phần I- Chương 1 và Chương 2 [Tài liệu 3] |
| | Chương 2. Các dấu phân tử (phần I): Protein, RFLPs, PCR, RAPDs 1. Dấu dựa vào Protein: Isozymes và Allozymes 2. Dấu dựa vào DNA: dấu RFLPs 3. PCR và những yếu tố ảnh hưởng sản phẩm PCR 4. Dấu RAPDs | 3 | 5 | Đọc Chương 3 [Tài liệu 2]; Chương 3 và Chương 4 [Tài liệu 3] |
| 3 | Chương 3. Các dấu phân tử (phần II): các dấu SSRs và AFLPs 1. Sequence-Tagged sites 2. Khảo nghiệm các dấu SSRs và fSSRs 3. Các dấu khác 4. Dấu AFLPs | 3 | 0 | Đọc Chương 2 [Tài liệu 3] |
| 4 | Chương 4. Dấu phân tử (phần III): Single Nucleotide Polymorphism 1. Dấu SNPs : ưu và nhược điểm 2. Tại sao dấu SNPs quan trọng? 4. Các dấu LSOPs và ASOPs 5. Ứng dụng SNPs | 3 | 0 | Đọc Phần II- Chương 4 [Tài liệu 2]; Chương 5 [Tài liệu 3]. |
| 5 | Chương 5. Dấu SNPs (tiếp theo..) 1. Chiến lược căn bản | 3 | 0 | Đọc Phần II- Chương 4 [Tài liệu 2]; |

| | | | | |
|---|--|---|---|--------------------------------------|
| | cho khám phá SNP 2. Dấu Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP) 3. WebSNAPER 4. Các dấu CAPs & dCAPs 5. In dấu kiểu gen SNP trong hệ thống Luminex: DH, SBCE, ASPCR, OL | | | |
| 6 | Chương 6. Đa dạng Di truyền 1. Đột biến và sửa sai DNA 2. Đa dạng Di truyền 3. Đo đa dạng di truyền 4. Giá trị của độ dị hợp 5. Các quá trình làm xói mòn đa dạng di truyền 6. Các ứng dụng | 3 | 0 | Đọc phần III- Chương 7 [Tài liệu 2]; |
| 7 | Chương 7. Bản đồ di truyền 1. Bản đồ di truyền là gì? 2. Các dạng dấu để vẽ bản đồ 3. Các dạng bản đồ 4. Các bước vẽ bản đồ di truyền 5. Bản đồ QTLs 6. Nhân dòng vị trí 7. Chọn lọc được hỗ trợ dấu Marker Assisted Selection (MAS) | 3 | 0 | Đọc Phần II- Chương 4 [Tài liệu 2]; |
| 8 | Chương 8. Liên kết không cân bằng (LD) 1. Liên kết không cân bằng là gì? 2. Liên kết vs LD 3. Liên kết không cân bằng được đo như thế nào? 4. Phân tích Liên kết 5. Bản đồ QTLs- Phương pháp truyền thống 6. Bản đồ Association là gì? | 3 | 0 | Đọc Phần I - Chương 1 [Tài liệu 2]; |
| 9 | Chương 9. Di truyền thuận | 3 | 0 | Đọc Chương 6 [Tài liệu 3]; |

| | | | | |
|-----------|---|---|---|---------------------------|
| | <p>1. Quần thể đột biến quan trọng cho phân tích chức năng gen</p> <p>2. Các phương pháp cho việc tạo quần thể đột biến</p> <p>3. Nhân dòng Gen</p> <p>4. Phân lập các gen từ quần thể đột biến thêm đoạn</p> <p>5. Phân lập các gen từ quần thể đột biến mất đoạn hay từ tập đoàn: nhiễm sắc thể đi bộ</p> | | | |
| 10 | <p>Chương 10. Di truyền ngược</p> <p>1. Các phương pháp để xác định chức năng gen giả định putative từ ESTs</p> <p>2. Các phương pháp</p> <p>3. Phân tích chức năng sinh học của các thể đột biến được xác định</p> <p>4. Phân lập các thể đột từ quần thể quần thể đột biến mất đoạn</p> | 3 | 0 | Đọc Chương 6 [Tài liệu 3] |

Cần Thơ, ngày 10 tháng 05 năm 2016.

TL. HIỆU TRƯỞNG
TRƯỞNG KHOA/GIÁM ĐỐC VIỆN/
GIÁM ĐỐC TRUNG TÂM

TRƯỞNG BỘ MÔN