

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РФ
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«ДАГЕСТАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
Биологический факультет

**АННОТАЦИЯ К РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЕ ДИСЦИПЛИНЫ
ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ: МЕТАГЕНОМИКА
(ОНЛАЙН КУРС)**

Кафедра биохимии и биофизики биологического факультета

Образовательная программа

06.03.01 Биология

Направленность (профиль) программы
Биохимия

Уровень высшего образования
Бакалавриат

Форма обучения
Очная

Статус дисциплины: часть ОПОП, формируемая участниками
образовательных отношений, модуль мобильности

Махачкала, 2021

Аннотация рабочей программы дисциплины «Введение в биоинформатику: метагеномика» (онлайн курс ФГАУ ВО «Санкт-Петербургский государственный университет»)

<https://openedu.ru/course/spbu/BIOINF/>

О курсе

Курс посвящен введению в метагеномику и затрагивает основные теоретические и практические подходы анализа видового состава, генетического материала и функционала сообществ микроорганизмов, обитающих в окружающей среде.

Метагеномика — раздел геномики, изучающий геном не отдельного организма, а совокупности обитателей микробных сообществ, живущих в разных природных условиях. На протяжении 4,5 миллиардов лет микроорганизмы являются доминирующей формой жизни на Земле. При этом только около 2% из них может быть выращено в лабораторных условиях, а об остальных мы не знаем практически ничего. Детальный анализ состава и функционирования сложных сообществ позволяет ответить на многие вопросы, связанные со здоровьем человека, охраной окружающей среды, хранением и переработкой продуктов питания, разработкой альтернативных источников энергии, и т.д. Такой анализ возможен только в результате биоинформатической обработки огромных массивов данных, получаемых при секвенировании суммарной метагеномной ДНК и/или отдельных генов.

В предлагаемом курсе «Введение в биоинформатику: метагеномика» мы затронем вопросы подготовки метагеномных проб и особенностей их анализа; математических подходов, лежащих в основе созданных специально для этого типа данных программных продуктов; вопросы секвенирования и сборки метагеномов, их аннотации и применения.

С середины курса участникам будет предложен проект, по результатам работы над которым и будет в основном оцениваться степень освоения ими материала курса. В рамках этого проекта учащиеся будут самостоятельно работать с реальными данными, проведут самостоятельный анализ.

Продолжительность

8 недель

Общая трудоемкость дисциплины

2 зачетные единицы (72 часа)

Формат

Форма обучения – заочный (дистанционный). В состав курса входят видеолекции, контрольные вопросы по ходу лекции, квизы, выполнение проектного задания.

Курс рассчитан на 8 недель.

Работа над проектом начнется с 3-ей недели и будет проходить параллельно с лекциями.

Для лучшего усвоения материала курса используется совокупность таких подходов, как лекции, контрольные задания, практические занятия, проводимые как преподавателем, так и самостоятельно студентами, использование онлайн-программ и аналитических платформ в реальном времени, а также работу в терминале LINUX также в реальном времени.

Требования

Курс предназначен для тех, кто готов учиться, готов осваивать новые, передовые знания, необходимые уже сегодня всем биологам, медикам, экологам и многим другим. Навыки программирования не обязательны, но очень приветствуются. Приглашаются слушатели, начиная с уровня последнего года бакалавриата и далее. Успешному освоению курса поможет выпущенный ранее курс «Введение в Биоинформатику», т.к. он знакомит не только с анализом геномных данных, но и прививает базовые знания операционной системы LINUX.

Программа курса

1. Вводная лекция.

- описание метагеномных сообществ различной природы
- что такое метагеномика, где обитают микробные сообщества
- как их анализируют, особенности контроля качества, где и как используются полученные знания
- контрольные вопросы и задания по ходу лекции для закрепления терминологии и небольшая контрольная в конце (идет в зачет)

2. Получение экспериментальных данных для метагеномных проектов

- NGS технологии для метагеномики
- WGS - полногеномный сиквенс
- данные (data generation approaches) для 16S анализа разнообразия изучаемого сообщества
- форматы данных для последующего анализа

- контрольные вопросы и задания по ходу лекции для закрепления терминологии и небольшая контрольная в конце (идет в зачет)

3. Аналитические подходы: 16S анализ

- оценка качества данных для 16S, 18S анализа
- анализ с помощью баз данных 16S – алгоритмы и подходы
- построение филогенетических деревьев на основе 16S данных и их визуализация (термины, параметры, оценки надежности и т.д.)
- таксономическая представленность
- контрольные вопросы и задания по ходу лекции для закрепления терминологии и небольшая контрольная в конце (идет в зачет)

4. Аналитические подходы: бининг

- значение и применение
- алгоритмы (тетрануклеотидный анализ, кластеризация, GC%)
- визуализация результатов анализа
- интерпретация полученных результатов
- контрольные вопросы и задания по ходу лекции для закрепления терминологии и небольшая контрольная в конце (идет в зачет)

5. Аналитические подходы: полногеномная сборка и gene centric сборка

- что такое сборка, чем в случае метагеномов она отличается от сборки изолятов
- алгоритмы – сложности и особенности
- gene centric сборка и случаи ее применения
- практический модуль, на реальных примерах знакомящий слушателей с работой сданными
- визуализация
- контрольные вопросы и задания по ходу лекции для закрепления терминологии и небольшая контрольная в конце (идет в зачет)

6. Аннотация и анализ метаболических путей

- что происходит после сборки и аннотации
- программы, созданные для метаболического анализа
- работа онлайн в реальном времени с данными реальных экспериментов
- контрольные вопросы и задания по ходу лекции для закрепления

терминологии и небольшая контрольная в конце (идет в зачет)

7. Заключение

- о чем курс
- чему научились
- что осталось за кадром
- перспективы метагеномных исследований

Результаты обучения

Курс познакомит студентов с разнообразием данных, производимых с помощью новых технологий геномного секвенса, их особенностями, и способами их использования в решении как исследовательских, так и практических задач. Для приобретения практических навыков и более глубокого понимания теоретических основ, студентам будут даны практические задания, направленные на анализ реальных лабораторных и клинических данных. Особенностью курса является и то, что читается он на русском языке, а иллюстрационный материал лекций подготовлен на английском языке, что поможет студентам быстрее освоить лексику, используемую в международных публикациях и на конференциях.

Формируемые компетенции

После прохождения курса «Введение в биоинформатику: метагеномика» обучающиеся будут:

1. Знать и понимать:

- задачи, которые ставят необходимость исследования сложных микробных сообществ перед медиками, биологами, программистами и математиками;
- методы и подходы их решения;
- программные продукты и аналитические платформы, созданные для работы с метагеномными данными;
- математические алгоритмы, лежащие в основе таких программ.

2. Уметь:

- правильно планировать эксперимент;
- оценивать сложность задач и требуемых для их решения ресурсов (лабораторных и компьютерных);
- оценивать качество произведенных данных с точки зрения поставленной задачи;

- правильно выбирать и создавать программные продукты для решения поставленной задачи.

Направления подготовки

[06.00.00 Биологические науки](#)