

**Аннотация рабочей программы дисциплины
«Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных»**

Дисциплина «Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных» реализуется в рамках образовательной программы высшего образования – программы магистратуры 06.04.01 БИОЛОГИЯ (уровень магистратуры), направленность (профиль): ИНФОРМАЦИОННАЯ БИОЛОГИЯ; по очной форме обучения на русском языке.

Место в образовательной программе:

Дисциплина «Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных» является дисциплиной по выбору Блока 1 программы магистратуры по направлению подготовки 06.04.01 БИОЛОГИЯ (уровень магистратуры) и реализуется в 3 семестре на кафедре информационной биологии ФЕН НГУ. Основной целью курса является ознакомление студентов с современными методами метагеномного анализа, базирующегося на картировании и сборке геномных или транскриптомных прочтений материала микроорганизмов, полученных из среды.

Задачи курса: обзор предметной области и основных направлений исследований, практических задач; обзор экспериментальных методов, подходов к выделению материалов для исследования и пробоподготовки; обзор современных платформ высокопроизводительного секвенирования и их особенностей; обзор современных методов метагеномного анализа, методов оценки таксономического состава и разнообразия сообществ, их ограничений и особенности интерпретации результатов.

Дисциплина «Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных» направлена на формирование общекультурных (ОК), общепрофессиональных (ОПК) и профессиональных компетенций (ПК)::

- способность к абстрактному мышлению, анализу, синтезу (ОК-1).
- готовность использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач (ОПК-3),
- способность самостоятельно анализировать имеющуюся информацию, выявлять фундаментальные проблемы, ставить задачу и выполнять полевые, лабораторные биологические исследования при решении конкретных задач с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работ и научную достоверность результатов (ОПК-4);
- готовность творчески применять современные компьютерные технологии при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации для решения профессиональных задач (ОПК-7).
- способность творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры (ПК-1);
- способность генерировать новые идеи и методические решения (ПК-4);
- готовность осуществлять проектирование и контроль биотехнологических процессов (ПК-7).

В результате освоения дисциплины студент должен:

Знать основные принципы анализа и теоретические основы базовых методов метагеномного анализа; современные методы метагеномного анализа с использованием геномных прочтений; программное обеспечение, необходимое для обработки экспериментальных результатов и оформления этих результатов в виде отчетов, статей и т. п.; методологию, конкретные методы и приемы научно-

исследовательской работы с использованием современных компьютерных технологий, необходимые для освоения дисциплин профессионального цикла; современные методы статистической обработки биологических экспериментальных данных; основные теории, концепции и принципы в избранной области деятельности; основы проектирования и методы контроля биотехнологических процессов.

Уметь решать различные задачи (учебные или возникающие в процессе исследовательской работы) с использованием базовых знаний по дисциплине, способность делать выводы из имеющихся данных (теоретических, экспериментальных), позволяющие прийти к решению проблемы учебного или практического плана; проводить анализ прочтений с помощью бесплатных программных ресурсов; применять на практике базовые теоретические знания современной биологии, методологии современных биологических исследований; новейших достижений в области биологических исследований; использовать теоретические знания и экспериментальные навыки для самостоятельного планирования и проведения эксперимента, анализа и оформления полученных результатов; формулировать проблему и предлагать пути ее решения с использованием биотехнологических методов и подходов.

Владеть навыками решения типовых задач по дисциплине; способность формулировать выводы из полученных обучающимся экспериментальных данных; навык самостоятельного анализа имеющейся информации; навык корректного интерпретирования экспериментального материала; современными компьютерными технологиями при сборе, хранении, обработке, анализе и передаче биологической информации; приемами и методами для выполнения и решения новых идей; навыками составления творческих проектов; навыком самостоятельного осуществления проектирования биотехнологических процессов и поиска методов решения практических задач, применения различных методов познания.

Перечень основных разделов дисциплины:

1. Введение в метагеномику/метатранскриптомику.
2. Обзор экспериментальных подходов. Обзор современных платформ высокопроизводительного секвенирования и их особенностей.
3. Таргетное секвенирование. Подходы к оценке сообщества по представленности бактериальных родов и видов.
4. Использование референсных геномов. Картирование прочтений. Безреференсные подходы – сборка фрагментов *de novo*. Алгоритмы сборки.
5. Оценка разнообразия с помощью анализа k-меров. Биннинг. Алгоритмы биннинга. Контролируемый и неконтролируемый биннинг. Кластеризация.
6. Аннотация генов. Алгоритмы аннотации. Функциональный метагеномный анализ. Сравнительный анализ.
7. Статистический анализ данных метагеномного картирования. Многомерная статистика и специфические метрики для экспериментов сравнения влияния факторов на бактериальные сообщества.
8. Филогенетические деревья. Методы построения, обработки и сравнения деревьев.
9. Эволюционное расстояние. Модели нуклеотидных и аминокислотных замен. Проверка эволюционных гипотез. Гомология последовательностей. Ортологи и паралоги. Филогенетический анализ на основе подходов без выравниваний. Анализ частот встречаемости k-меров.

Преподавание дисциплины предусматривает следующие формы организации учебного процесса: лекции, практические занятия, консультации, самостоятельная работа.

Самостоятельная работа включает: подготовку к практическим занятиям по разделам дисциплины, подготовку презентаций докладов, подготовку к зачету. С целью освоения современных методических подходов и специализированного программного обеспечения студенты будут выполнять в рамках семинарских занятий и домашних заданий анализ синтетических и реальных данных. Итогом обучения является защита индивидуального (или группового) проекта, связанного с анализом метагеномных и/или метатранскриптомных данных.

Общий объем дисциплины – 3 зачетные единицы (108 часов)

Правила аттестации по дисциплине.

Текущий контроль по дисциплине «Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных» осуществляется на практических занятиях, а также в проверке выполненных и сданных преподавателю домашних заданий, на базе которых создается оценочное портфолио для каждого обучающегося. Домашние задания выполняются в письменной форме и сдаются преподавателю в электронной информационно-образовательной среде НГУ. В зависимости от количества баллов, полученных за портфолио, обучающемуся выставляется оценка «зачтено» или «не зачтено». Оценка «зачтено» является условием успешного прохождения 1 этапа промежуточной аттестации.

Промежуточная аттестация по дисциплине «Методы биологического исследования: анализ метагеномных данных» проводится по завершению периода ее освоения (семестра). Промежуточная аттестация по дисциплине проводится в два этапа:

- 1) Оценочное портфолио по результатам работы в семестре, которое включает: 1 домашнее задание из 4 задач и индивидуальный (или групповой) проект.
- 2) Представление и защиты отчета по результатам индивидуального (или группового) проекта, являющегося результатом самостоятельной работы студента (студентов) по теме, связанной с методами анализа метагеномных или метатранскриптомных данных, а также устный ответ на вопросы экзаменационного билета.

Результаты промежуточной аттестации по дисциплине оцениваются по шкале «неудовлетворительно», «удовлетворительно», «хорошо», «отлично». Оценки «отлично», «хорошо», «удовлетворительно» означают успешное прохождение промежуточной аттестации.

Учебно-методическое обеспечение дисциплины.

Курс «Введение в биоинформатику. Метагеномика» [Электронный ресурс]. – <https://ru.coursera.org/learn/bioinformatics>

4. Введение в биоинформатику: метагеномика [Электронный ресурс]. – <https://stepik.org/course/2557/>