

ГОУ ВПО РОССИЙСКО-АРМЯНСКИЙ (СЛАВЯНСКИЙ) УНИВЕРСИТЕТ

Составлен в соответствии с
государственными требованиями к минимуму
содержания и уровню подготовки
выпускников по направлению 01.04.02
Прикладная математика и информатика
и Положением «ОБУМКД РАУ».

УТВЕРЖДАЮ:
Директор института
математики и информатики,
канд. физ.-мат. наук
Дарбинян Арман Араикович



“19” 07 2023 г.

Институт: Математики и Информатики

Кафедра: Математики и математического моделирования

Автор: канд. физ.-мат. наук Дарбинян Арман Араикович

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ КОМПЛЕКС

Дисциплина: Б1.О.07 Практическое применение в биомедицине

Для магистерских программ:

Магистерская программа: 01.04.02 Вычислительная биология (Computational Biology)

Направление: Прикладная математика и информатика
Название направления

ЕРЕВАН

1. Аннотация

Дисциплина направлена на приобретение навыков по пользованию основными биологическими базами данных, построению программных пайплайнов и разработке алгоритмов анализа данных для решения практических и научных задач в области биомедицины, геномики и биотехнологии. В рамках дисциплины студенты будут вовлечены в проекты анализа геномных данных для диагностики онкологических заболеваний, антибиотико-резистентности, анализа наследственных мутаций и т.д.

2. Взаимосвязь с другими дисциплинами специальности: Дисциплина связана с такими предметами учебного плана как «Геномика», «Системная биология», «Вычислительная биология», «Framework(R/Python)», «BIG DATA», «Средства программирования для геномики» и т.д.

3. Требования к исходным уровням знаний и умений студентов: Дисциплина базируется на знаниях дисциплин «Молекулярная биология и типы биологических данных», «Introduction to ML» и «Mathematics for ML1».

4. Объем дисциплины и виды учебной работы по рабочему учебному плану

Виды учебной работы	Всего часов	Количество часов по семестрам			
		1 сем.	2 сем.	3 сем.	4 сем.
1	2	3	4	5	6
1. Общая трудоемкость изучения дисциплины по семестрам, в т. ч.:	72		72		
1.1. Аудиторные занятия, в т. ч.:	36		36		
1.1.1. Лекции	-		-		
1.1.2. Практические занятия, в т. ч.	36		36		
1.2. Самостоятельная работа	27		27		
2. Форма итогового контроля: Зачет	9		9		

5. Распределение весов по формам контроля

	Вес формы текущего контроля в результирующей оценке текущего контроля			Вес формы промежуточного контроля и результирующей оценки текущего контроля в итоговой оценке промежуточного контроля			Вес итоговых оценок промежуточных контролей в результирующей оценке промежуточного контроля	Вес оценки результирующей оценки промежуточных контролей и оценки итогового контроля в результирующей оценке итогового контроля
	M1 ¹	M2	M3	M1	M2	M3		
Вид учебной работы/контроля								
Контрольная работа						0,7		
Тест								
Курсовая работа								
Лабораторные работы								
Письменные домашние задания			1					
Эссе								
<i>Другие формы (опрос)</i>								
<i>Другие формы (добавить)</i>								
<i>Другие формы (добавить)</i>								
Вес результирующей оценки текущего контроля в итоговых оценках промежуточных контролей						0,3		
Вес итоговой оценки 1-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 2-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 3-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей т.д.							1	
Вес результирующей оценки промежуточных контролей в результирующей оценке итогового контроля								0,4
Экзамен/зачет (оценка итогового контроля)								0,6
		$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$

6. Содержание дисциплины

6.1 Тематический план и трудоемкость аудиторных занятий (Модули, разделы дисциплины и виды занятий) по учебному плану

Разделы и темы дисциплины	Всего часов	Лекции, часов	Практ. занятия, часов	Семина-ры, часов	Лабор, часов	Другие виды занятий, часов
1	2	3	4	5	6	7
II курс						
<i>МОДУЛЬ 1</i>						
Тема 1. Анализа геномов для определения наследственных генных вариаций	9		9			
Тема 2. Анализа геномов для определения соматических генных вариаций	9		9			
Тема 3. Анализа транскриптома	9		9			
Тема 4. Метагеномный анализ	9		9			
ИТОГО	36		36			

7. Рекомендуемая литература:

1. Ulintz PJ, Wu W, Gates CM. Bioinformatics Analysis of Whole Exome Sequencing Data. *Methods Mol Biol.* 2019;1881:277-318. doi: 10.1007/978-1-4939-8876-1_21. PMID: 30350213.
2. Huang AY, Lee EA. Identification of Somatic Mutations From Bulk and Single-Cell Sequencing Data. *Front Aging.* 2022 Jan 3;2:800380. doi: 10.3389/fragi.2021.800380. PMID: 35822012; PMCID: PMC9261417.
3. Koch CM, Chiu SF, Akbarpour M, Bharat A, Ridge KM, Bartom ET, Winter DR. A Beginner's Guide to Analysis of RNA Sequencing Data. *Am J Respir Cell Mol Biol.* 2018 Aug;59(2):145-157. doi: 10.1165/rcmb.2017-0430TR. PMID: 29624415; PMCID: PMC6096346.
4. Lindner BG, Gerhardt K, Feistel DJ, Rodriguez-R LM, Hatt JK, Konstantinidis KT. A user's guide to the bioinformatic analysis of shotgun metagenomic sequence data for bacterial pathogen detection. *Int J Food Microbiol.* 2024 Jan 30;410:110488. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110488. Epub 2023 Nov 17. PMID: 38035404.

Учебная программа одобрена кафедрой Биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии

Зав. кафедрой: Захарян Р.В.



(подпись)

