

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



“ 9 ” 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.В.ДВ.03.01 Средства программирования для геномики

Для магистерских программ:

Магистерская программа: 01.04.02 Вычислительная биология (Computational Biology)

Направление: Прикладная математика и информатика

*Название направления*

ЕРЕВАН

## **1. Аннотация**

Технологии высокопроизводительного секвенирования ДНК — секвенирования следующего и третьего поколения обеспечили бурный рост объемов биологических данных и открыли новые возможности для исследований в областях молекулярной биологии, биомедицины и биотехнологии. Широкий круг применений анализа данных секвенирования в исследовании регуляции экспрессии генов, медицинской геномике, биотехнологических приложениях требует согласования форматов, соблюдения общих стандартов представления информации, с использованием «сырых» данных секвенирования и разработкой общих конвейеров их компьютерной обработки и модельной интерпретации. Цель данной дисциплины - ознакомить студентов с основными программными пакетами анализа геномных данных, их применениями, контролем качества, аннотации и визуализации результатов, а также обучить их самостоятельно проводить первичную обработку экспериментов, используя соответствующие программы.

**2. Взаимосвязь с другими дисциплинами специальности:** Дисциплина связана с такими предметами учебного плана как «Геномика», «Системная биология», «Вычислительная биология», «Framework(R / Python)», «BIG DATA», «Практическое применение в биомедицине» и д.р.

**3. Требования к исходным уровням знаний и умений студентов:** Дисциплина базируется на знаниях дисциплин «Молекулярная биология и типы биологических данных», «Introduction to ML» и знаниях скриптового программирования в среде Linux.

## **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.:	108	108			
1.1. Аудиторные занятия, в т. ч.:	36	36			
1.1.1. Лекции	18	18			
1.1.2. Практические занятия, в т. ч.	18	18			
1.2. Самостоятельная работа	54	54			
2. Форма итогового контроля: Зачет	18	18			

**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
	М1 <sup>1</sup>	М2	М3	М1	М2	М3		
<b>Вид учебной работы/контроля</b>								
Контрольная работа								
Тест					0,5	0,5		
Курсовая работа								
Лабораторные работы					0,5	0,5		
Письменные домашние задания								
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								
Вес итоговой оценки 1-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 2-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей							0,5	
Вес итоговой оценки 3-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей т.д.							0,5	
Вес результирующей оценки промежуточных контролей в результирующей оценке итогового контроля								0,5

Экзамен/зачет (оценка итогового контроля)								0,5
		$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$

## 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
<b>I курс</b>						
<i>МОДУЛЬ 1</i>						
Тема 1. Статистические методы в R Случайные переменные. Распределения случайные переменные Статистическая значимость и доверительные интервалы. Описательный статистический анализ. Непараметрическая статистика.	6	3	3			
Тема 2. Линейные модели, регрессионный анализ.	6	3	3			
Тема 3. Анализ многомерных данных. Коррекция на множественное тестирование. Статистические модели в анализе многомерных данных. Кластерный анализ.	8	4	4			
Тема 4. Ознакомление с библиотеками для анализа биологических данных в R. Ознакомление с Bioconductor. Библиотеки для анализа данных экспрессии генов. Библиотеки для анализа последовательностей. Библиотеки для функционального анализа.	8	4	4			
Тема 5. Анализ, интеграция и визуализация многомерных геномных данных.	8	4	4			
<b>ИТОГО</b>	<b>36</b>	<b>18</b>	<b>18</b>			

## 7. Рекомендуемая литература:

1. Irizzary R and Love M. Data Analysis for the Life Sciences. Learnpub 2015.  
<http://leanpub.com/dataanalysisforthelifesciences>
2. Шипунов А.Б., Балдин Е.М. Анализ данных с R. 2015  
<http://www.inp.nsk.su/~baldin/DataAnalysis/>
3. The R Project for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
4. R studio. <https://www.rstudio.com/>
5. Bioconductor: open source software for bioinformatics. <https://www.bioconductor.org/>

**Учебная программа одобрена кафедрой Биотехнологии, биоинформатики и молекулярной биологии**

**Зав. кафедрой: Захарян Р.В.**



---

*(подпись)*