

УТВЕРЖДЕНО
ПОСТАНОВЛЕНИЕМ УЧЕНОГО СОВЕТА РАУ
№ 197/2 от «2» ноября 2023 г.

РЕКТОР

Э.М. САНДОЯН



ПРОГРАММА
ПРОФЕССИОНАЛЬНОЙ ПЕРЕПОДГОТОВКИ
«BIOINFORMATICS AND DATA SCIENCE IN ONCOLOGY» ПО
ПРОФИЛЮ ОСНОВНОЙ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ 06.05.01
«БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА»

1. Аннотация:

Актуальность программы

Биоинформатика и наука о данных стали неотъемлемой частью онкологии в современном мире. При помощи методов биоинформатики ученые анализируют геномные данные, что позволяет исследовать молекулярные механизмы развития и прогрессии рака, выявлять новые диагностические и прогностические биомаркеры рака и создавать и подбирать более целевые методы лечения. Наука о данных, в свою очередь, играет ключевую роль в обработке и интерпретации огромных объемов медицинских данных, собираемых в процессе диагностики и лечения онкологических заболеваний. Такое совмещение двух дисциплин предоставляет возможность для глубокого понимания сложных процессов, происходящих в раковых клетках, и разработки новых инновационных методов борьбы с этим опасным заболеванием. Данная программа профессиональной переподготовки направлена на формирование глубоких знаний и прикладных навыков в области биоинформатики и науки о данных в контексте онкологии, что позволит специалистам разрабатывать и применять передовые инструменты для анализа геномных данных, ускоряя тем самым поиск новых методов диагностики, прогнозирования и лечения раковых заболеваний.

Цель реализации программы: формирование и совершенствование профессиональных компетенции, необходимых для выполнения нового вида профессиональной деятельности.

Программа профессиональной переподготовки направлена на получение компетенций в области геномной биоинформатики, манипуляции, анализа и визуализации геномных данных и молекулярной онкологии, необходимых для выполнения нового вида профессиональной деятельности и приобретения новой квалификации.

Задачи реализации программы

- Освоение основных принципов и методов биоинформатики, применяемых в онкологии.
- Развитие навыков программирования и работы с большими данными, специфичными для геномных исследований.
- Изучение последних достижений в области генетики и молекулярной биологии рака.
- Приобретение практических навыков по созданию и использованию компьютерных инструментов для анализа биологических данных.
- Применение полученных знаний для анализа реальных клинических и геномных наборов данных с целью выявления новых биомаркеров и потенциальных целей для терапии.

- Формирование навыков междисциплинарного взаимодействия с клиницистами, генетиками и другими специалистами в области онкологии.

2. Уровень образовательной программы – дополнительное профессиональное образование.

3. Вид программы - профессиональная переподготовка.

4. Трудоемкость программы профессиональной переподготовки

Программа рассчитана на 260 академических часов.

5. Форма обучения

Предусмотренная форма обучения - очная с опциональным применением дистанционных образовательных технологий.

6. Срок освоения программы 32 недель по 4 занятия в неделю.

7. Категориями слушателей для программы профессиональной переподготовки являются:

Лица, имеющие среднее профессиональное и (или) высшее образование.

8. Для приема на обучение предоставляются следующие документы:

8.1. Заполненная в установленной форме заявка.

8.2. Копия документа, удостоверяющего личность.

8.3. Диплом о наличии среднего профессионального или высшего образования лица, имеющие среднее профессиональное и (или) высшее образование.

9. Планируемые результаты обучения: знания, умения, навыки, формируемые в результате освоения программы

По завершении обучения студент должен знать:

1. Основы молекулярной биологии и генетики, необходимые для понимания процессов развития и прогрессии онкологических заболеваний.
2. Методы и технологии секвенирования нового поколения (NGS - Next-Generation Sequencing), включая их принципы работы, преимущества и ограничения.
3. Принципы и методы биоинформатического анализа геномных данных, включая последовательности ДНК, РНК и белков.
4. Алгоритмы и инструменты для анализа больших объемов данных, применяемые в науке о данных.
5. Статистические методы и модели, используемые для анализа и интерпретации биологических данных.
6. Основы программирования на языках, актуальных для биоинформатики, таких как Python и R.

7. Принципы работы с базами данных и хранилищами геномной информации.
8. Современные методы визуализации данных, применяемые в биоинформатике и науке о данных.
9. Этические и правовые аспекты работы с генетической информацией пациентов.

По завершении обучения студент должен уметь:

1. Производить анализ геномных данных с использованием современных биоинформатических инструментов и программ.
2. Применять статистические методы для интерпретации и валидации результатов геномных исследований.
3. Интегрировать разнообразные биологические данные для комплексного изучения онкологических процессов на молекулярном уровне.
4. Объединять биоинформатический и статистический подходы для идентификации потенциальных мишеней терапии и биомаркеров рака.
5. Применять методы визуализации для наглядной демонстрации результатов анализа и исследований.
6. Постоянно обновлять свои знания и навыки в связи с быстрым развитием технологий и методик в биоинформатике и онкологии.
7. Соблюдать этические нормы при работе с геномной информацией и обеспечивать конфиденциальность данных пациентов.

По завершении обучения студент должен обладать следующими навыками:

1. Анализировать и интерпретировать биологические данные, включая геномные последовательности, транскриптомы и протеомные наборы данных.
2. Применять специализированное программное обеспечение для биоинформатического анализа и секвенирования.
3. Проектировать и реализовывать алгоритмы для решения специфических задач в области биоинформатики и науки о данных.
4. Интегрировать и анализировать разнообразные типы данных для комплексного изучения онкологических процессов.
5. Оценивать качество и достоверность полученных результатов, применяя статистические методы и критерии.
6. Применять методы визуализации для эффективной демонстрации и коммуникации результатов исследования.
7. Сотрудничать в междисциплинарных командах, включая взаимодействие с клиницистами, генетиками и другими специалистами.

8. Адаптироваться к новым технологиям и методам в быстро меняющейся области биоинформатики и онкологии.
9. Проводить критический анализ научной литературы и применять актуальные знания в практической деятельности.
10. Осуществлять эффективное управление проектами в области биоинформатики, планировать исследования и оптимизировать ресурсы.

10. Описание перечня профессиональных компетенций, формируемых в результате освоения программы профессиональной переподготовки

Аналитическая компетенция. Способность к критическому анализу и интерпретации биологических и медицинских данных с использованием современных методов статистики и машинного обучения.

Техническая компетенция. Владение инструментами и программным обеспечением для биоинформатического анализа, секвенирования и обработки данных.

Интердисциплинарная компетенция. Способность к взаимодействию и сотрудничеству с профессионалами из разных областей – молекулярной биологии, генетики, клинической медицины и др.

Этическая компетенция. Понимание и соблюдение принципов профессиональной этики при работе с генетической информацией и клиническими данными пациентов.

Коммуникативная компетенция. Умение эффективно общаться, доносить свою точку зрения до коллег, публики и пациентов, а также интерпретировать сложную научную информацию в доступной форме.

Научно-исследовательская компетенция. Способность самостоятельно формулировать научные гипотезы, разрабатывать методики их проверки и проводить научные исследования.

Образовательная компетенция. Готовность к постоянному обучению, самообразованию и применению новых знаний и навыков в практической деятельности.

11. Форма итоговой аттестации - экзамен и курсовой проект.

12. Распределение объема программы по разделам и/или темам и видам учебной работы

Программа реализуется в двух треках: «Биоинформатика для программистов» и «Биоинформатика для биологов». После начальных специализированных курсов, предназначенных для отдельных направлений, студенты обоих треков продолжают обучение вместе.

Направление: «Биоинформатика для программистов»

Разделы и темы дисциплины	Всего (ак. часов)	Лекции (ак. часов)	Практ. занятия (ак. часов)	Семинары (ак. часов)	Самостоятельная работа
1	2=3+4+5+6	3	4	5	6
Тема БП1. Введение в молекулярную биологию	32	8	-	8	16
Тема БП2. Введение в онкогенетику	32	8	-	8	16
Тема 3. Анализ данных NGS	96	24	24	-	48
Тема 4. Вычислительная биология	64	16	16	-	32
Курсовой проект	36	-	-	4	32
ИТОГО	260	56	40	20	144

Направление: «Биоинформатика для биологов»

Разделы и темы дисциплины	Всего (ак. часов)	Лекции (ак. часов)	Практ. занятия (ак. часов)	Семинары (ак. часов)	Самостоятельная работа
1	2=3+4+5+6	3	4	5	6
Тема ПБ1. Введение в программирование на Python и анализ данных	64	16	8	8	32
Тема 3. Анализ данных NGS	96	24	24	-	48
Тема 4. Вычислительная биология	64	16	16	-	32
Курсовой проект	36	-	-	4	32
ИТОГО	260	56	48	12	144

Тема БП1. Введение в молекулярную биологию.

Определение и свойства живого вещества. Химический состав живых организмов. Микро- и макромолекулы. Углеводы, липиды их структура, функции. Белки. Аминокислоты. Классификация. Пептидная связь. Вторичная, третичная и четвертичная структура белка. Функции белков. Фолдинг белка. Нуклеиновые кислоты. Структура и функции ДНК и РНК. Матричные синтезы в клетке. Репликация. Принципы и этапы. Репарация повреждений ДНК. Транскрипция. Регуляция транскрипции. Факторы транскрипции. Созревание матричной мРНК в эукариотических клетках. Сплайсинг, альтернативный сплайсинг. Генетический код, свойства. Трансляция. Регуляция трансляции. Регуляция экспрессии генов. Определение

гена. Структура генов эукариот. Геномы. Международная программа «Геном человека». ПЦР и секвенирование нуклеиновых кислот. Клетка. Структура эукариотической клетки. Органеллы клетки, их функции. Деление клеток (митоз). Клеточный цикл. Апоптоз и некроз. Основы генетики. Законы Г. Менделя. Понятия генотип и фенотип. Изменчивость наследственного материала. Классификация мутаций. Наследственные заболевания человека.

Тема БП2. Введение в онкогенетику

Биология опухоли и причины рака. Клеточный цикл и рак. Гены, связанные с раком: онкогены и супрессоры. Онкогены: факторы роста, рецепторы факторов роста, сигнальная трансдукция, киназы и транскрипционные факторы. Гены-супрессоры опухоли: p53, RB, BRCA1, BRCA2, APC и WT1. Нарушение репарации ДНК. Теломеры и нестабильность генома. Метилирование ДНК. Апоптоз и рак. Наследственный виды рака. Микроокружение опухоли.

Тема ПБ1. Введение в программирование на Python

Языки программирования. Python: история и применение, использование в биологии. Понятия интерпретаторов и компиляторов. Стандартный ввод/вывод. Переменные и типы данных. Строки и методы строк. Логические операции и операции сравнения. Повторение. Блоки. Условия: if, else, elif. Цикл while и операторы break, continue. Цикл for. Списки. Словари и множества. Файловый ввод/вывод и работа с файлами. Модули. Пространство имен. Библиотеки. Функции. Функциональное программирование. Лямбда-функции. Документация. Чистый код. Комментарии. Принципы объектно-ориентированного программирования (ООП). Обработка данных: библиотеки NumPy, Pandas. Визуализация данных: библиотеки matplotlib, seaborn, plotly. Парсинг данных. Библиотеки для работы с биологическими данными (FASTA, GenBank) и их парсинг. Библиотеки для биоинформатики (Biopython, BioConductor). Визуализация биологических данных.

Тема 3. Анализ данных NGS

Геномика и прецизионная медицина. Методы секвенирования NGS. Контроль качества данных секвенирования. Анализ соматических и наследственных мутаций. Клональность и эволюция опухоли. Транслокации и химерные гены. Геномные перестройки. Эпигенетические изменения генома. Анализ транскриптомики единичных клеток. Анализ дифференциальной экспрессии генов. Функциональная аннотация дифференциально-экспрессированных генов.

Тема 4. Вычислительная биология

Интернет-ресурсы геномной информации. Выборка и генеральная совокупность. Методы формирования выборки. Типы переменных. Количественные и номинативные переменные. Графическое представление данных. Статистическая проверка гипотез. Идея статистического вывода. р-уровень значимости и его интерпретация. Сравнение двух средних: t-критерий Стьюдента, U-критерий Манна-Уитни. Однофакторный дисперсионный анализ. Корреляция и регрессия. Функциональная аннотация: over-representation analysis, gene set enrichment analysis.

Список литературы и электронных ресурсов

Мастицкий С.Э., Шитиков В.К. "Статистический анализ и визуализация данных с помощью R", 2015

С. Гланц. Медико-биологическая статистика. Практика. 1990

Д.В. Ребриков. NGS: высокопроизводительное секвенирование. БИНОМ. Лаборатория знаний 2014

Illowsky B, Dean S. Introductory Statistics. Rice University, 2018. <https://openstax.org>

Fowler S, Roush R, Wise J. Concepts of Biology, Rice University, 2018. <https://openstax.org>

Albert I. The Biostar Handbook: 2nd Edition. <https://www.biostarhandbook.com/index.html>

Cell Biology by the Numbers: <http://book.bionumbers.org/>

<http://seqanswers.com/forums/index.php>

<https://www.biostars.org/>

<http://www.cookbook-r.com/>

<http://r-analytics.blogspot.ru/>

<https://www.openintro.org/stat/textbook.php>

https://gallery.shinyapps.io/CLT_mean/

https://gallery.shinyapps.io/dist_calc/

13. Лицам, успешно освоившим соответствующую дополнительную профессиональную программу и прошедшим итоговую аттестацию, выдается диплом о профессиональной переподготовке.

14. Программа составлена кафедрой биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии ИБМиФ РАУ.