|  |
| --- |
| **М 01.04.02 М 2016 очная Анализ данных в биологии и медицине** |
| **Анализ данных в биологии и медицине** |
| зовых алгоритмов биоинформатики последовательностей. Студенты овладеют знаниями об основных алгоритмах, применяемых в анализе биологических последователь ностей, таких, как выравнивание, поиск паттернов, множественные выравнивания, структры РНК. После окончания курса студенты смогут свободно читать литературу, связанную с биоинформати- кой последовательностей а также проводить элементарные самостоятельные исс ледования. |
| **Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования** |
| Курс охватывает теоретические основы технологических процессов и алгоритмов, необходимых для анализа данных секвенирования нового поколения. Цели курса является формирование у слушателей знания об историческом развитии технологий секвенирования, знакомство с современными методами технологий секвенирования. Студенты научится определять оптимальные для решаемой задачи методы секвенирования, овладеют методами предварительной обработки данных, полученных в ходе высокопроизводительного секвенирования. |
| **Введение в молекулярную биологию** |
| Курс посвящен введению в биохимию, клеточную и молекулярную биологию рассматривает такие темы, как основы строения клетки, ДНК и РНК, матричные процессы, мутации, генетические молекулярные механизмы, элементы генетики и медицинской геномики. |
| **Комбинаторика и теория вероятностей** |
| В курсе дается введение в следующие темы: основы комбинаторики, распределения дискретных и непрерывных величин, характеристики распределений и их нахождение, совместные распределения, предельные законы. |
| **Математика** |
| В курсе дается введение в следующие темы: - предел последовательности и предел функции; - производные и дифференциалы, Экстремум функции; - первообразная функции, неопределенный интеграл; - векторы, матрицы, системы линейных уравнений; - линейное пространство, базис; - линейный оператор, матрица линейного оператора; - основные понятие об обыкновенных дифференциальных уравнениях. |
| **Молекулярная эволюция** |
| Студенты овладеют информацией об эволюции организмов в прошлом, основных методах эволюционных исследований, внутри- и межпопуляционных особенностях, взаимосвязях между фенотипом молекул и организмов; а также поймут, как эволюционные процессы связаны с молекулярными механизмами, происходящими в клетке и организме. После окончания курса студенты смогут вести теоретические исследования в области эволюционной геномики. |
| **Научно-исследовательский семинар "Вычислительная филогенетика"** |
| Научно-исследовательский семинар &quot;Вычислительная филогенетика&quot; призван познакомить студентов с алгоритмами и программами, используемыми для реконструкции филогении биополимеров по их последовательностям и филогении организмов по их биополимерам |
| **Научный семинар "Исследование медико-биологических данных"** |
| Настоящая дисциплина относится к блоку обязательных дисциплин. Изучение данной дисциплины базируется на следующих дисциплинах: Научно-исследовательский семинар «Исследование медико-биологических данных», 1 курс -«Молекулярная эволюция» Для освоения учебной дисциплины студенты должны владеть следующими знаниями: - Основные понятия эволюционной биологии - Основы эволюционной медицины |
| **Практическая биоинформатика** |
| Курс охватывает базы данных и основные сервисы и программы для обработки биологических последовательностей, а также молекулярную филогению, семейства и домены белков, базы данных по структурам белков и РНК. В цели курса входит научить студентов использовать основные биологические базы данных, в том числе содержащие геномную, структурную и другую информацию, в научно-исследовательской работе; овладеть базовыми средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информации.   Курс развивает ключевые знания и компетенции в биоинформатических задачах и позволит успешно работать с любыми типами биологических данных, которые будут встречаться в следующих курсах модуля. |
| **Прикладная статистика** |
| Программа предназначена для преподавателей, ведущих курс «Прикладная статистика», учебных ассистентов и студентов направления подготовки 01.04.02 Прикладная математика и информатика, обучающихся по образовательной программ «Анализ данных в биологии и медицине». Программа учебной дисциплины разработана в соответствии с: – Образовательным стандартом НИУ ВШЭ 01.04.02 Прикладная математика и информати-ка; – Образовательной программой «Анализ данных в биологии и медицине». – Объединенным учебным планом университета по образовательной программе «Анализ данных в биологии и медицине», утвержденным в 2018 г. Целью программы является знакомство студентов с основными приёмами статистической обработки числовых данных. Программа включает три занятия по 4 часа во втором модуле, шесть занятий по 4 часа в третьем модуле, завершается экзаменом. Помимо лекций и семинаров, программа включает три контрольных работы и три самостоятельных домашних работы. |
| **Программирование на языке R** |
| Язык R — современный язык программирования предназначенный для статистического анализа большого объёма данных. На данный момент R является одним из самых используемых языков программирования в биоинформатике. Цель курса - освоить базовый синтаксис языка R, познакомиться с структурами данных, управляющими конструкциями и графическими возможностями. Курс включает в себя знакомство с функциями R предназначенными для выполнения основных статистических тестов, освоение базовой графики и знакомство с некоторыми биоинформатическими пакетами из Bioconductor. |
| **Проектный семинар** |
| Проектный семинар &quot;Анализ данных в биологии и медицине&quot; нацелен на формирование у магистров знания основных проблем, решаемых в исследованиях в медицине и здравоохранении и типовых и перспективных решений. |
| **Системная биология и персонализированная медицина** |
| This course provides an introduction to systems biology with an emphasis on analysis of -omics data and applications in medicine. Accent is made on analysis of expression data, heavy usage of graphs and networks and other methods to enhance routine statistical analysis with biological knowledge. Special lecture is devoted to introduction to oncogenomics. This course is designed for students with strong backgrounds in either molecular biology or computer science, but not necessarily both. The open R+Bioconductor programming environment — which is widely employed for bioinformatics and computational biology — is used to illustrate the applications. |
| **Современные методы анализа данных** |
| The course introduces the theory and practice of machine learning algorithms and their applications in the area of bioinformatics. The students will learn data preprocessing techniques, methods of dimension reduction, technique of modeling using machine-learning algorithms, parameter tuning. The studied algorithms include linear regression with regularization (ridge regression, elastic net, lasso), multivariate adaptive regression splines, support vector machines, neural networks, k-nearest neighbors, classification and regression trees, random forest, gradient boosting. Workshops, which follow the lectures, seek to empower students with the practical skills in predictive modeling software tools, packages and applications. Many case studies of predictive models for bioinformatics data sets will be considered. |
| **Современные методы принятия решений: Алгоритмы в биоинформатике** |
| Цель освоения дисциплины «Алгоритмы биоинформатики последовательностей» — общий обзор базовых алгоритмов биоинформатики последовательностей. Студенты овладеют знаниями об основных алгоритмах, применяемых в анализе биологических последовательностей, таких, как выравнивание, поиск паттернов, множественные выравнивания, структры РНК. После окончания курса студенты смогут свободно читать литературу, связанную с биоинформатикой последовательностей а также проводить элементарные самостоятельные исследования. |
| **Сравнительная геномика** |
| В курсе даются основы сравнительного-геномного анализа и эволюции геномов. Будут рассмотрены основные понятия молекулярной эволюции применительно к геномам (ортологи и паралоги, горизонтальный перенос, филетические паттерны, перестройки геномов). Курс включает как алгоритмические проблемы, возникающие при анализе эволюции геномов, так и биологические подходы и практические задачи, возникающие при аннотации геномов. |
| **Структурная биоинформатика и моделирование лекарств** |
| Курс посвящен введению в структурную биоинформатику, методы моделирования структуры и динамики биополимеров и низкомолекулярных веществ, основы хемоинформатки, основы квантовой химии и вычислительные методы по разработке биологически активных молекул. |