

RTU studiju kurss "Nukleīnskābju sekvencēšanas lielo datu analīze"**32000 Dabaszinātņu un tehnoloģiju fakultāte****Vispārējā informācija**

Kods	PA0222
Nosaukums	Nukleīnskābju sekvencēšanas lielo datu analīze
Studiju kursa statuss programmā	Obligātais/Ierobežotās izvēles
Atbildīgais mācītspēks	Tālis Juhna - Doktors, Rektors
Mācītspēks	Iveta Lauva - Zinātniskais asistents
Apjoms daļās un kredītpunktos	1 daļa, 3.0 kredītpunkti
Studiju kursa īstenošanas valodas	LV, EN
Anotācija	Studiju kursu īsteno Latvijas Universitātē, kursa izstrādātājs ir Raitis Pečulis. Studiju kursā apskatīti galvenie nukleīnskābju sekvencēšanas eksperimentu mērķi, mērķu sasniegšanai piemērotāko metožu pielietošana, datu plūsmu veidošana, rezultātu prioritizēšana un interpretēšana. Studiju kursā uzsvars likts uz datu analīzes metožu praktisko pielietojumu papildinot to ar teorētisko pamatojumu katrai no metodēm, iespējamām alternatīvām un priekšrocībām un trūkumiem. Pilnu studiju kursu skatīt: https://www.lu.lv/studijas/studiju-celvedis/programmu-un-kursu-katalogi/kursu-katalogs/?tx_lustudycatalogue_pi1[action]=detail&tx_lustudycatalogue_pi1[controller]=Course&tx_lustudycatalogue_pi1[course]=Biol3058.
Mērķis un uzdevumi, izteikti kompetencēs un prasmēs	Studiju kursa mērķis ir nodrošināt studentiem iespējas apgūt zināšanas kā veikt lielapjoma nukleīnskābju sekvencēšanas datu analīzi HPC vidē. Studiju kursa uzdevumi: • attīstīt studentu spēju analizēt nukleīnskābju sekvencēšanas datus, pielietojot pētījuma mērķim atbilstošās datu analīzes metodes; • attīstīt studentu spēju interpretēt un vizualizēt nukleīnskābju sekvencēšanas datu analīzes rezultātus; • attīstīt studentu spēju izprast, kritiski interpretēt un izskaidrot literatūrā pieejamos nukleīnskābju sekvencēšanas rezultātus.
Patstāvīgais darbs, tā organizācija un uzdevumi	Studējošo patstāvīgais darbs organizēts individuāli. Patstāvīgie uzdevumi: 1. Studēt ar studiju kurus tēmām saistīto literatūru. 2. Gatavoties kontroldarbiem un eksāmenam. 3. Apgūt datu analīzes veikšanai un grafiskai attēlošanai nepieciešamās: UNIX termināla komandas, datu analīzes programmu komandu sintaksi, R programmas komandas.
Literatūra	Obligātā / Obligatory: 1. Bioinformatics for RNASeq Data Analysis (https://www.intechopen.com/books/bioinformatics-updated-features-and-applications/bioinformatics-for-rna-seq-data-analysis). 2. Bioinformatics Tools for Detection and Clinical Interpretation of Genomic Variations (https://www.intechopen.com/books/bioinformatics-tools-for-detection-and-clinical-interpretation-of-genomic-variations). 3. Eadline, D. 2009, High Performance Computing, (http://hpc.fs.uni-lj.si/sites/default/files/HPC_for_dummies.pdf), Wiley Publishing, Inc. 52 p. Papildu / Additional: 1. Robinson, P.R., Piro, R.M., Jager, M. 2017, Computational Exome and Genome Analysis, CRC Press, 557 p. 2. Sung, W.-K. 2017, Algorithms for Next-Generation Sequencing, CRC Press, 350 p. 3. Wang, X. 2016, Next-Generation Sequencing Data Analysis, CRC Press, 246 p. Citi informācijas avoti / Other sources of information: 1. Journal of Next Generation Sequencing & Applications. 2. Nature Genetics. 3. SEQanswers (seqanswers.com).
Nepieciešamās priekšzināšanas	Pamata R un pamata UNIX termināla zināšanas.

Studiju kursa saturs

Saturs	Pilna un nepilna laika klātienē studijas		Nepilna laika neklātienē studijas	
	Kontakt stundas	Patstāv. darbs	Kontakt stundas	Patstāv. darbs
Ievads. Nukleīnskābju sekvencēšanas metodes.	2	3	0	0
Darbs ar UNIX termināli, HPC lietošana.	4	6	0	0
Darba plūsmu veidošana.	4	6	0	0
Sekvencēšanas datu īpašības: datņu tipi un datu kvalitātes kontrole.	6	9	0	0
Sekvencēšanas datu pielīdzināšana.	2	3	0	0
DNS variantu noteikšana.	4	6	0	0
Gēnu diferenciālās ekspresijas noteikšana.	4	6	0	0
Nukleīnskābju sekvencēšanas datu analīzes rezultātu interpretācija.	6	9	0	0

Kopā:	32	48	0	0
-------	----	----	---	---

Sasniedzamie studiju rezultāti un to vērtēšana

Sasniedzamie studiju rezultāti	Rezultātu vērtēšanas metodes
Pārzina datņu veidus, struktūru un parametrus; Pārzina nukleīnskābju sekvencēšanas metodes; definē nukleīnskābju sekvencēšanas pētījumu mērķus un nepieciešamos rezultātus.	1.starppārbaudījums. 2.starppārbaudījums. Eksāmens.
Prot veikt nukleīnskābju sekvencēšanas datu kvalitātes kontroli; nukleīnskābju sekvencēšanas datu pielīdzināšanu references genomam; ģenētisko variantu noteikšanu DNS sekvencēšanas datos.	1.starppārbaudījums. 2.starppārbaudījums. Eksāmens.
Prot veikt diferencēti ekspresētu gēnu noteikšanu RNS sekvencēšanas datos; vizualizēt datu analīzes rezultātus programmā R.	1.starppārbaudījums. 2.starppārbaudījums. Eksāmens.
Spēj plānot savu nukleīnskābju sekvencēšanas datu analīzi un tai nepieciešamos skaitļošanas resursus; veikt nukleīnskābju sekvencēšanas datu rezultātu kritisku izvērtēšanu.	1.starppārbaudījums. 2.starppārbaudījums. Eksāmens.

Studiju rezultātu vērtēšanas kritēriji

Kritērijs	% no kopējā vērtējuma
1.starppārbaudījums	25
2.starppārbaudījums	40
Eksāmens	35
Kopā:	100

Studiju kursa plānojums

Daļa	KP	Stundas			Pārbaudījumi		
		Lekcijas	Prakt d.	Laborat	Ieskaite	Eksām.	Darbs
1.	3.0	20.0	40.0	0.0		*	