



Дисципліна: «ВСТУП ДО СИСТЕМНОЇ БІОЛОГІЇ: ОСНОВИ ПРОГРАМУВАННЯ НА PYTHON ТА АНАЛІЗ ДАНИХ ТРАНСКРИПТОМІКИ» ДВА.3.01.11

Спеціальність Е1 «Біологія та біохімія»

ВИКЛАДАЧ:

Скоробогатов О. Ю., кандидат біологічних наук, e-mail: skorobogatov.alx@gmail.com

ЗАГАЛЬНЕ НАВАНТАЖЕННЯ: 3 ECTS

Заняття в аудиторії: 30 годин (12 годин лекцій, 10 годин семінарів, 6 годин модульні контрольні роботи, 2 години консультація)

Самостійна робота (СР): 60 годин

АНОТАЦІЯ

Дисципліна «Вступ до системної біології: основи програмування на Python та аналіз даних транскриптоміки» належить до переліку дисциплін вільного вибору аспіранта. Вона є важливою складовою наук про життя в цілому та спрямована на формування знань та навичок, необхідних для подальшої самостійної дослідницької роботи при вивченні складних біологічних систем.

Курс розрахований на здобувачів, які вже ознайомилися з базовими біологічними дисциплінами, зокрема такими як молекулярна біологія, біохімія, загальна та молекулярна генетика, імунологія та біотехнологія.

МЕТА І ЗАВДАННЯ КУРСУ:

Дати аспірантам розуміння системного підходу в біології; озброїти їх навичками програмування на Python для самостійного отримання, статистичного аналізу, візуалізації та інтерпретації даних «омік», зокрема bulk RNA-seq, пошуку диференційно експресованих генів та аналізу збагачення GO (Gene Ontology);

РЕЗУЛЬТАТИ НАВЧАННЯ, МЕТОДИ ВИКЛАДАННЯ І ФОРМИ ОЦІНЮВАННЯ

Результати навчання	Методи викладання і навчання	Форми оцінювання
Мати загальні уявлення про системну біологію, знати методи візуалізацій біологічних даних та ознайомитись з основами програмування мовою Python	Лекції, семінарські заняття, самостійна робота	Модульний контроль, індивідуальне завдання
Розуміти основні засади сучасних методів секвенування транскриптому, вміти застосовувати Python для пошуку диференційно	Лекції, семінарські заняття, самостійна робота	Модульний контроль, індивідуальне завдання

експресованих генів аналізу збагачення GO		
Ознайомитись із основними засадами машинного навчання та прикладами його використання в системній біології; опанувати базові методи навчання без вчителя для сегментації біологічних зображень	Лекції, семінарські заняття, самостійна робота	Модульний контроль, індивідуальне завдання

ЗМІСТ КУРСУ

Дисципліна «Вступ до системної біології: основи програмування на Python та аналіз даних транскриптоміки» є складовою фундаментальної підготовки фахівців освітньо-наукового рівня «доктор філософії» за спеціальністю Е1 «Біологія та біохімія». Дисципліна відповідає навчальному плану підготовки докторів філософії в Інституті молекулярної біології і генетики НАН України. Системна біологія є міждисциплінарною наукою про життя, спрямованою на вивчення складних взаємодій в живих системах. Використовує новий підхід в біології: холізм замість редукціонізму. Основна увага в системній біології приділяється емерджентним властивостям, тобто таким властивостям біологічних систем, які неможливо пояснити тільки з точки зору властивостей їх компонентів. Таким чином, завданнями системної біології є дослідження та моделювання властивостей складних біологічних систем, які не можна пояснити сумою властивостей їх складових. Курс включає три змістові модулі (ЗМ).

ТЕМАТИЧНИЙ ПЛАН ЛЕКЦІЙ І СЕМІНАРСЬКИХ ЗАВДАНЬ

№ п/п	Назва лекції	Кількість годин				
		Лекції	Семінари	Модульні	Консультації	СР
<i>ЗМ1. Основні засади системної біології та методи візуалізації даних</i>						
1	Тема 1. Основні засади системної біології	1				2
2	Тема 2. Основи програмування в Python	2	2		2	5
3	Тема 3. Візуалізація даних, отриманих з допомогою високопродуктивних технологій	1	1			3
	Індивідуальний проект. Розвідковий аналіз та “очистка” тренувального			2		10

	набору даних в Python					
ЗМ2. Підходи до секвенування транскриптому та аналіз отриманих даних						
4	Тема 4. Сучасні підходи до секвенування транскриптому	1				3
5	Тема 5. Пошук диференційно експресованих генів із застосування Python-бібліотеки PyDESeq2	2	2			5
6	Тема 6. Over-representation аналіз диференційно експресованих генів за допомогою інструменту Gene Ontology enrichment analysis	1	2			2
	Індивідуальний проект. Розробка пайплайну для пошуку диференційно експресованих генів та over-representation аналізу в Python				2	10
ЗМ3. Аналіз біомедичних зображень та машинне навчання						
7	Тема 7. Машинне навчання та приклади його застосування в системній біології	1	1			5
8	Тема 8. Методи машинного навчання без вчителя для сегментації біомедичних зображень	3	2			5
	Індивідуальний проект. Розробка пайплайну для аналізу гістопатологічних зображень в Python				2	10
	ВСЬОГО	12	10	6	2	60

УМОВИ ВИЗНАЧЕННЯ НАВЧАЛЬНОГО РЕЙТИНГУ

Контроль знань здобувачів здійснюється за модульно-рейтинговою системою. Підсумкова оцінка розраховується за накопичувальною системою. При цьому максимальна кількість балів встановлюється наступним чином:

Форми оцінювання	Кількість	Максимум балів за 1	Разом
Модульна контрольна робота	3	20	60
Доповідь і презентація на семінарі за обраною	3	5	15

ТЕМОЮ			
Іспит	1		25
Разом			100

ВИМОГИ І КРИТЕРІЇ ОЦІНЮВАННЯ

Види робіт	Кількість балів за один вид робіт	Критерії оцінювання
Модульна контрольна робота	20	Роботу виконано і подано вчасно; автор демонструє належний рівень знань, розуміє основи сучасної системної біології, здатен аналізувати інформацію, мислити логічно.
Модульна контрольна робота	10-19	Роботу виконано і подано вчасно; автор демонструє розуміння не всіх принципів системної біології.
Модульна контрольна робота	1-10	Роботу виконано невчасно; автор демонструє прогалини у знаннях основних понять системної біології.
Доповідь та презентація	5	Доповідь зроблена вчасно, використовуючи максимальну кількість сучасних наукових публікацій з обраної теми. Доповідь побудовано логічно та послідовно; автор розуміє проблематику питання та може відповісти на поставлені питання.
Доповідь та презентація	3-4	Доповідь зроблена вчасно. Автор не повністю розуміє проблематику питання та може відповісти на частину поставлених питань.
Доповідь та презентація	1-2	Доповідь зроблена невчасно, автор не розуміє проблематику питання, має істотні прогалини у знаннях, не може відповісти на питання.
Участь в обговоренні доповідей	0,5	Здобувач задає питання на семінарах, бере участь у дискусії
	0	Завдання не виконане у обумовлені

		викладачем терміни або містить плагіат.
--	--	---

Порядок перерахунку рейтингових показників нормованої 100-бальної шкали оцінювання в національну шкалу та шкалу ЄКТС

За 100-бальною шкалою	За національною шкалою	За шкалою ЄКТС
	ІСПИТ	
91 – 100	Відмінно	A (відмінно)
81 – 90	Добре	B (дуже добре)
71 – 80		C (добре)
66 – 70	Задовільно	D (задовільно)
60 – 65		E (достатньо)
40 – 59	Незадовільно	FX (незадовільно - з можливістю повторного складання)
1 – 39		F (неприйнятно)

Мінімальний рівень оцінки за роботу в семестрі з курсу «Вступ до системної біології: основи програмування на Python та аналіз даних транскриптоміки» (допуск до іспиту) складає 40 балів. У разі отримання оцінки «неприйнятно» (нижче 40 балів) здобувач не допускається до складання іспиту. У разі отримання оцінки «незадовільно» здобувач має право на два перескладання: викладачеві та комісії. Максимальна підсумкова оцінка після перескладання може бути лише «задовільно».

ПОЛІТИКА ДОБРОЧЕСНОСТІ

Виконання навчальних завдань і робота в курсі має відповідати вимогам «Кодексу академічної доброчесності в Інституті молекулярної біології і генетики НАН України» (затверджений Вченою радою Інституту молекулярної біології і генетики НАН України протокол № 12 від 10 вересня 2019 року) http://www.imbg.org.ua/docs/education/IMBG_academic_integrity_code.pdf

РЕКОМЕНДОВАНІ ДЖЕРЕЛА

Основні:

1. Aderem A. Systems biology: its practice and challenges. *Cell*. 2005 May 20;121(4):511-513. doi: 10.1016/j.cell.2005.04.020. PMID: 15907465.
2. Han S, Kwak IY. Mastering data visualization with Python: practical tips for researchers. *J Minim Invasive Surg*. 2023 Dec 15;26(4):167-175. doi: 10.7602/jmis.2023.26.4.167.
3. Eren K, Taktakoğlu N, Pirim I. DNA Sequencing Methods: From Past to Present. *Eurasian J Med*. 2022 Dec;54(Suppl1):47-56. doi: 10.5152/eurasianjmed.2022.22280.
4. Yin H, Duo H, Li S, Qin D, Xie L, Xiao Y, Sun J, Tao J, Zhang X, Li Y, Zou Y, Yang Q, Yang X, Hao Y, Li B. Unlocking biological insights from differentially expressed genes: Concepts, methods, and future perspectives. *J Adv Res*. 2025 Oct;76:135-157. doi: 10.1016/j.jare.2024.12.004.
5. Sidak D, Schwarzerová J, Weckwerth W and Waldherr S (2022) Interpretable machine learning methods for predictions in systems biology from omics data. *Front. Mol. Biosci*. 9:926623. doi: 10.3389/fmolb.2022.926623
6. Belcher BT, Bower EH, Burford B, Celis MR, Fahimipour AK, Guevara IL, Katija K, Khokhar Z, Manjunath A, Nelson S, Olivetti S, Orenstein E, Saleh MH, Vaca B, Valladares S, Hein SA and Hein AM (2023) Demystifying image-based machine learning: a practical guide to automated analysis of field imagery using modern machine learning tools. *Front. Mar. Sci*. 10:1157370. doi: 10.3389/fmars.2023.1157370
7. Megason SG, Fraser SE. Imaging in systems biology. *Cell*. 2007 Sep 7;130(5):784-95. doi:10.1016/j.cell.2007.08.031
8. Boris Muzellec, Maria Telenczuk, Vincent Cabeli, and Mathieu Andreux. Pydeseq2: a python package for bulk rna-seq differential expression analysis. *bioRxiv*, pages 2022–12, 2022. doi:10.1101/2022.12.14.520412.

Додаткові:

1. <https://github.com/mommermi/Introduction-to-Python-for-Scientists>
2. <https://olvttools.com/en/documents/degs>
3. Vesztröcy AW, Dessimoz C. A Gene Ontology Tutorial in Python. *Methods Mol Biol*. 2017;1446:221-229. doi: 10.1007/978-1-4939-3743-1_16.