



1. pielikums

## PIETEIKUMS<sup>1</sup>

### Studiju programmas atlasei Latvijas Universitātē

projekta Nr. 2.3.1.1.i.0/1/22/I/CFLA/003 "Augsta līmeņa digitālo prasmju apguve Latvijā augstas veiktspējas skaitļošanas tehnoloģiju jomā" vajadzībām

<b>Studiju programmas šifrs, nosaukums un studiju līmenis:</b>	Akadēmiskā maģistra studiju programma "Bioloģija", 45421
<b>Fakultāte:</b>	Bioloģijas fakultāte
<b>Citas studiju programmas un fakultātes, kur varētu realizēt šo kursu:</b>	Akadēmiskā maģistra studiju programma "Datorzinātnes"
<b>Studiju programmas direktora kontaktinformācija (tālrunis, e-pasts):</b>	Nils Rostoks, nils.rostoks@lu.lv
<b>Izvēlēto studiju kursu tematiskā joma (atzīmēt ar X vismaz vienu interesējošo tematisko jomu, kuru ir plānots integrēt studiju programmā):</b>	
	Vides procesu modelēšana un klimats
X	Datu apstrādes un vizualizācijas metodes

<sup>1</sup> Pieteikums nepārsniedz 2 lappuses

<b>Studiju kursu nosaukumi kopā ar to kredītpunktiem<sup>2</sup>: (jāpiedāvā 1 - 6 kursi 2-3 kredītpunktu vērtībā)</b>	1. Ievads bioinformātikā, 2KP 2. 3.
<p><b>Aprakstīt moduli iekļaujamo studiju kursu sasniedzamos rezultātus studējošo zināšanu un prasmju terminos, saturu (tematus) un studiju aktivitātes, akcentējot, kā tieši tiks īstenota kombinēto studiju metodika</b></p> <p>Skaidrot moduli iekļaujamo studiju kursu sasaisti <b>ar kādu no</b> MK noteikumu Nr.453 19.punktā noteiktajiem prioritārajiem pielietojamo zināšanu un prasmju virzieniem tautsaimniecības atveseļošanai un transformācijai:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>● <b>mākslīgais intelekts un dati veselības aprūpē un medicīnā, jaunu zāļu izstrādē, tostarp attēlos balstīta diagnosticēšana, 3D un genomika, bioinformātikas un datu zinātnes attīstība;</b></li> <li>● <b>sarežģītu fizikālu sistēmu inženiermodelēšana un mehānisko, aerodinamisko, elektrodinamisko īpašību simulācija (Galīgo elementu metode (Finite element method (FEM)), Skaitliskās plūsmas mehānika (Computer Fluid Dynamics (CFD)), tostarp augsto tehnoloģiju, būvniecības un transporta jomā;</b></li> <li>● <b>vides, zemes sistēmas procesu modelēšana un klimata dinamika, tostarp izmantošana bioekonomikā un mežsaimniecībā, tālīzpēte un datu apstrāde;</b></li> <li>● <b>mākslīgā intelekta rūpnieciskie pielietojumi, digitālie risinājumi publisko pakalpojumu attīstībā</b></li> </ul>	
<p>Pēc kursa apguves studenti spēs patstāvīgi izmantot bioinformātikas, genomikas un metagenomikas datu analīzes un vizualizācijas rīkus, atbilstoši MK noteikumu 19. punktā minētajiem prioritārajiem pielietojamo zināšanu un prasmju virzieniem “genomika” un “bioinformātika”. <b>Kursa mērķis</b> ir iepazīstināt maģistratūras studentus ar bioloģiskās informācijas daudzveidību, tās ieguves un analīzes metodēm un uzsvērt bioinformātikas un eksperimentālo bioloģijas zinātnes nozaru ciešo saistību. Pēc kursa pabeigšanas studenti spēs patstāvīgi orientēties genomikas, transkriptomikas un metagenomikas datus, izprast šo datu analīzi un izmantot bioinformātikas datubāzes, iegūt un vizualizēt datus, kā arī programmēt automātiskās datu ieguves rīkus. Kursa gaitā studenti apgūs bioloģisko datu analīzes metodes, iepazīsies ar datu analīzes vidēm un programmām, kas pielietojamas pilna genoma, mikrobioma, metagenoma, visa genoma genotipēšanas datu un transkriptoma datu analīzei. Kursa gaitā studenti iegūs zināšanas, lai orientētos bioloģisko datu iegūšanā un analīzē, lai varētu izvēlēties turpmākās specializācijas virzienu un patstāvīgi vai ar padziļinātu kursu palīdzību spētu kļūt par speciālistiem izvēlētajā datu analīzes jomā. Kursā tiks līdzsvarota teorijas apguve ar praktiskajiem darbiem dažādo analīzes soļu izpratnē un darbā ar datu analīzes programmām datu analīzes serverī. Studiju kurss “Ievads bioinformātikā” tiek pasniegts arī LU Datorikas fakultātes studentiem kopīgās studiju apakšprogrammas</p>	

<sup>2</sup> Vienam modulim ir 6KP. To var veidot 2-3 studiju kursi ar mazāku kredītpunktu apjomu (2-3 KP)

“Bioinformātika” ietvaros (kursa kods Biol5072).

**Aprakstīt, kā moduļi iekļaujамie studiju kursi veicinās studējošo digitālo prasmju attīstību, norādot konkrētus digitālus rīkus, kas tiks izmantoti, to sasaisti ar studiju aktivitātēm un kursu sasniedzamajiem studiju rezultātiem.**

Studiju kursā “Ievads bioinformātikā” studenti secīgi apgūs teorētiskās pamatzināšanas un praktiskās pamatprasmes eikariotu DNS un RNS sekvencēšanas datu analīzē, mikrobioma un metagenomu sekvencēšanas datu analīzē, visa genoma genotipēšanas datu apstrādē. Praktiskie darbi tiks veikti ar UNIX/Linux termināli, pieslēdzoties skaitļošanas serverim, apgūstot datu manipulēšanu, pārvietošanu, informācijas izgūšanu no bioloģiskās informācijas datubāzēm (Ensembl, UCSC, NCBI, SILVA), darbu automatizēšanu un datu analīzes programmu apvienošanu vienotā darba plūsmā ar Snakemake. Sekojoši tiks apgūtas programmas un darba plūsmas dažādajiem bioloģiskajiem datiem sākot no kvalitātes kontroles (FastQC, fastp, cutadapt), datu filtrēšana, sekojošās analīzes atkarībā bioloģisko datu tipa un eksperimenta mērķa (DNS: pielīdzināšana genomam un variantu saukšana (BWA, GATK); RNS: pielīdzināšana transkriptomam un diferenciālā gēnu ekspresija (SortMeRNA, Salmon); visa genoma genotipēšanai: variantu asociācijas analīze un imputācija (pLink, Michigan Imputation Server); mikrobioma datiem: sugu noteikšana un daudzveidības analīze (QIIME2, phyloseq, ANCOM-BC2) ; metagenoma datiem: metaphlan4, kraken2/bracken, humann3) un sekojošai rezultātu vizualizācijai pēc zinātnisko žurnālu standartiem (R Studio, ggplot). Praktiskie darbi ietvers arī iegūto rezultātu anotēšanu ar informāciju no publiskajām bioloģisko datu datubāzēm (Ensembl, UCSC, SILVA). Studiju kursa izmantotās programmas ir pašreizējais datu analīzes “standarts”, kas plaši tiek pielietotas zinātniskajos pētījumos un starptautiski citētās publikācijās un vajadzības gadījumā tiks atjauninātas un aizstātas ar pārākām, ja tādas būs pieejamas vai nepieciešamas.

**Aprakstīt moduļi iekļaujamo kursu iekļaušanu studiju programmā, kursu sasaisti ar studiju programmas sasniedzamajiem mērķiem, citiem kursiem un studiju programmā sasniedzamajiem rezultātiem.**

Ierobežotās izvēles kurss “Ievads bioinformātikā” ir loģisks turpinājums bakalaura SP kursam Biol3048, kas iepazīstina ar bioinformātikas pamatiem. MSP kurss papildina un paplašina bakalaura programmas kursā “Nukleīnskābju sekvencēšanas lielo datu analīze” iegūtās zināšanas un prasmes genomu un transkriptomu analīzē ar padziļinātu bioinformātikas datubāzu, vizualizācijas rīku analīzi un sniedz jaunas zināšanas par mikrobiomu, metagenomu un visa genoma genotipēšanas datu analīzes programmām un praktiskas iemaņas darbā ar tām. Kursa

apgūšana nepieciešama, lai sagatavotu studentus veiksmīgai maģistra darba izstrādei "Bioloģija", kā arī tālākajām studijām doktorantūras studiju programmā "Dabaszinātnes".

**Studiju programmas direktora paraksts, paraksta atšifrējums un datums:**