



סילבוס

עקרונות וכלים חישוביים באפידמיולוגיה מולקולרית של חיידקים - 73557

תאריך עדכון אחרון 30-12-2023

3 HU Credits:

היחידה האקדמית שאחראית על הקורס: מדעי בעלי החיים והווטרינריה

השנה הראשונה בתואר בה ניתן ללמוד את הקורס: 0

סמסטר: סמסטר א'

שפת ההוראה: אנגלית

קמפוס: רחובות

מורה אחראי על הקורס (רכז): ד"ר אהוד אלנקוה

דוא"ל של המורה האחראי על הקורס: ehud.elnekave@mail.huji.ac.il

שעות קבלה של רכז הקורס: בתיאום מראש

מורי הקורס:

ד"ר אהוד אלנקוה

תאור כללי של הקורס:

שימו לב - בשנת 2024 - לאור הסמסטר המקוצר חלו שינויים בסילבוס ונושא אבולוציית החיידקים לא יועבר בקורס. כמו כן בסמסטר זה לא תערך בחינה בקורס. הציון יורכב מציוני התרגילים

אפידמיולוגיה מולקולרית של חיידקים ממקור חיות משק □ הקורס יעסוק באנליזה של מידע עתיר נתונים ממחקרים אפידמיולוגיים ובניתוח מידע גנטי של חיידקים ממקור חיות משק. הקורס יקנה ידע בסיסי בכלים לביצוע אנליזה אפידמיולוגית, אנליזה גנטית של רצפי (WGS) חיידקים, בחינת האבולוציה של חיידקים תוך דגש על העברה של חיידקים בין מקורות שונים וכן עמידויות לאנטיביוטיקה וחומרים אנטימיקרוביאליים בחיידקים.

מטרות הקורס:

1. לימוד דרכים לניתוח מידע עתיר נתונים ממחקרים אפידמיולוגיים של חיידקים ממקור חיות משק
2. ניהול וניתוח מאגרי מידע והצגה גרפית של מידע ממחקרים אפידמיולוגיים של חיידקים ממקור חיות משק
3. הצגת אפידמיולוגיה מולקולרית ככלי לניתוח מידע גנטי של חיידקים ממקור חיות משק
4. לימוד קריאה והבנה של עצים פילוגנטיים בקונטקסט אפידמיולוגי ושלבי הניתוח הגנטי
5. לימוד מעשי לביצוע ניתוח גנטי בסיסי של רצפי חיידקים תוך שימוש בממשקים שונים
6. התחקות אחר האבולוציה של חיידקים ממקור חיות משק - נושא זה לא ילמד בשנת 2024

תוצרי למידה

בסיומו של קורס זה, סטודנטים יהיו מסוגלים:

כחלק מהעבודה בקורס הסטודנטים ילמדו ויתנסו בניתוח נתונים וניתוח גנטי של דנא בקטריאלי תוך שימוש בתוכנות וממשקים שונים כדוגמת R ו-Linux.

דרישות נוכחות (%) :
100%

שיטת ההוראה בקורס: בקורס ינתנו הרצאות וכן תשולב עבודה מעשית והתנסות בכלים שונים

רשימת נושאים / תכנית הלימודים בקורס:
לפי שבוע.

הגשת התרגילים תעשה בשבוע שלאחר קבלתם.

1. מבוא למחקר אפידמיולוגי וניתוח נתונים □ שיעור (2 ש) ותרגול (1 ש) □ אנליזות עם משתנה יחיד רב משתנים. תרגיל 1.
2. ניתוח מאגרי מידע גדולים באמצעות תוכנת R □ שיעור (2 ש) ותרגול (1 ש) □ ניהול מאגרי מידע.
3. ניתוח מאגרי מידע גדולים באמצעות תוכנת R □ שיעור (2 ש) ותרגול (1 ש) □ הצגה בסיסית של נתונים □ היסטוגרמות וכו'; שימוש בלולאות 'for' ו-'while'. תרגיל 2.
4. מבוא לאפידמיולוגיה מולקולרית □ שיעור (2 ש) ותרגול (1 ש).

5. מבוא לפילוגנטיקה □ שיעור (ש2) וריצוף גנטי של גנום חיידק □ שיעור (ש1) □ שלבי תהליך הריצוף; שיטות ריצוף גנטי; תוצרי תהליך הריצוף הגנטי; בקרת איכות וכו'.
6. בניית עצים פילוגנטיים □ שיעור I (ש2) ותרגול (ש1) תרגיל 3. הנושאים הבאים יכללו:
 - מאגרי מידע זמינים למחקרים באפידמיולוגיה מולקולרית
 - דימיון בין בידודים
 - יישור של רצפי דנא
 - גישות לבניית עצים פילוגנטיים □ שימוש בגנום רפרנס, גנום ליבה וכו'.
 - Bootstrapping
 - תרגול □ ויזואליזציה של עצים ועוד..
7. בניית עצים פילוגנטיים □ שיעור II (ש2) ותרגול (ש1). תרגיל 4.
 - מאגרי מידע גנטי
 - Sequence Read Archive (SRA) at NCBI
 - אנליזה גנטית בשימוש בפלספורמה של לינוקס □ באנליזה של מאות וגנומים
8. בניית עצים פילוגנטיים □ שיעור III (ש2) ותרגול (ש1)
 - בקרת איכות של הגנום המיושר
 - פאג'ים
 - רקומביננציה
 - בניית עצים באמצעות RAxML
9. בניית עצים פילוגנטיים □ תרגול (ש3). תרגיל 5. סיכום תרגולים לבניית עצים פילוגנטיים □ הנושאים שיכללו:
 - שימוש התקנה, הורדה □ AliView
 - שימוש התקנה, הורדה □ Figtree
 - פילוגנטיים עצים של להצגה אינטרנטי כלי □ iTol
 - חבילות שימושיות ב-R לצורך ויזואליזציה של עצים פילוגנטיים
 - התקנת Ubuntu על 10 Windows
 - יצירת סביבות עבודה בMiniconda לצורך האנליזה הגנטית
 - שימוש בשורת הפקודות בLinux
 - שימוש בלולאות 'while' בלינוקס
 - הורדת מאות רצפי דנא מNCBI
 - הרצפים איכות בקרת FastQC - □
 - הורדת גנום רפרנס מNCBI
 - גנומים ויישור אינדקסים בניית □ bowtie2
 - בחינת מידת הכיסוי בגנומים המיושרים
 - זיהוי SNPs באופן אוטומטי
 - זיהוי PHAGE
 - יצירת גנום קונצנזוס
 - זיהוי והסתרה של איזורי רקומביננציה
 - בחירת מודל אבולוציוני
 - בניית עצים באמצעות RAxML
10. 'הרכבת' הגנום (assembly genome) □ שיעור (ש2) ותרגול (ש1). יכללו הנושאים הבאים:
 - 'הרכבת' הגנום:
 - K-mers, de Bruijn graphs
 - Assemblers
 - בקרת איכות
 - איפיון גנטי

- *In silico* serotyping

- זיהוי גנים לעמידות

□ ישור גנומים על פי גנום 'ליבה'

11. 'הרכבת' הגנום (assembly genome) □ שיעור (ש2) ותרגול (ש1). תרגיל 6.
יכללו הנושאים הבאים:

□ שימוש בSPAdes ל'הרכבת' הגנום

□ בקרת איכות באמצעות QUAST

□ חישוב מידת הכיסוי

□ שימוש בPROKKA לאנוטציה הגנום

□ שימוש בSISTR לצורך *In silico* serotyping

□ בניית גנום "ליבה"

□ המרכז לגנומיקה אפידמיולוגית (CGE)

שימו לב - שיעורים 12 ו-13 לא יכללו בחומר הלימוד בשנת 2024

12. אבולוציה של חיידקים □ שימוש בתוכנת BEAST □ שיעור (ש2) ותרגול (ש1).
□ מודלים לבניית עצים - דגש על מודלים ביזאניים

□ ויתרונות מגבלות, האנליזה תוצרי BEAST □

13. אבולוציה של חיידקים □ שימוש בתוכנת BEAST □ תרגול (ש3).

□ מידע מקורות - BEAST

□ שימוש התקנה - BEAST

□ Model selection module

□ Discrete trait analysis module

חומר חובה לקריאה:

ייתנו מאמרים במהלך הקורס.

חומר לקריאה נוספת:

□ Dohoo, I. R., Martin, S. W., & Stryhn, H. (2014). *Veterinary epidemiologic research* (3rd ed.). Charlotte, P.E.I.: VER, Inc.

□ Baum, D. A., & Smith, S. D. (2013). *Tree thinking: an introduction to phylogenetic biology*. Greenwood Village, Colo.: Roberts.

□ Hall, B. G. (2001). *Phylogenetic trees made easy: a how-to manual for molecular biologists*. Sunderland, Mass.: Sinauer Associates, Inc.

□ Higgs, P. G., & Attwood, T. K. (2005). *Bioinformatics and molecular evolution*. Malden, MA: Blackwell.

□ Alexei J. Drummond and Remco R. Bouckaert. □ *Bayesian Evolutionary Analysis with BEAST* □ (2). Cambridge University Press; 2015 (1st edition)
<https://beast.community/>

מרכיבי הציון הסופי :
מטלות הגשה במהלך הסמסטר: תרגילים / עבודות / מבדקים / דוחות / פורום / סימולציה ואחרות
100 %

מידע נוסף / הערות:
- הקורס יינתן באנגלית אלא אם כל התלמידים הם דוברי עברית
- על התלמידים להגיע עם מכשיר לפטופ עם 10 windows
- האנליזות בשיעור יעשו על מסדי נתונים זמינים online