

## האוניברסיטה העברית בירושלים

סילבוס

### מחקר ביולוגי כמותי בשפת פייתון - 92847

תאריך עדכון אחרון 03-11-2019

נקודות זכות באוניברסיטה העברית: 5

תואר: מוסמך

היחידה האקדמית שאחראית על הקורס: ביוכימיה מבנית ומולקולרית

השנה הראשונה בתואר בה ניתן ללמוד את הקורס: 0

סמסטר: סמסטר א'

שפת ההוראה: אנגלית

קמפוס: קרית א"י ספרא

מורה אחראי על הקורס (רכז): נדב ברנדס  
מיכל ליניאל

דוא"ל של המורה האחראי על הקורס: [nadav.brandes@mail.huji.ac.il](mailto:nadav.brandes@mail.huji.ac.il)

שעות קבלה של רכז הקורס: בתיאום במייל

תאור כללי של הקורס:

הקורס מניח ידע בסיסי בתכנות, אך שפת פייתון תלמד (בזריזות) מאפס. הדגש של הקורס יהיה פרקטי - תרגול ושימוש בידיים בכלים שנלמד, דרכם נגע גם בנושאים תיאורטיים. במהלך ההרצאות נציג בעיות ביולוגיות שונות אליהן ניתן לגשת באמצעות כלים חישוביים וכמותיים (למשל בתחום רצפי מחשבים בכיתת יתבצע התרגול. שימושיים וכלים מידע מאגרי של רחב מגוון ונציג, (וחלבון DNA, RNA והוא יהווה עיקר הקורס. במהלך התרגול נלמד ונתרגל תכנות בשפת פייתון ושימוש בשפה לצורך ההתמודדות עם הבעיות שהוצגו בהרצאה. טיפול בקבצי מידע בפורמטים שונים, עיבוד מידע, ניתוח סטטיסטי וויזואליזציה - את כל אלה נלמד ונתרגל.

מטרות הקורס:

על מנת לבצע מחקר ביולוגי אפקטיבי במאה ה-21 אנו מאמינים שלא רק ביואינפורמטיקאים, אלא כל חוקר ביולוגי, צריך להחזיק בארסנל הכלים שלו גם מיומנויות לניתוח ממוחשב של נתונים. הכלים האנליטיים משלימים את הכלים האקספרימנטליים, ויוצרים מדענים וחוקרים בעלי יכולות אנליטיות שנדרשות היום כמעט בכל מחקר ביולוגי, מדעי ורפואי. אנו מאמינים שתכנות, ולא רק שימוש בכלים מוכנים, היא יכולת הכרחית שתעצים את החוקר. לצורך כך פתחנו קורס תכנות בפייתון שמיועד במיוחד לתת מענה לצרכים של מחקר ביולוגי.

תוצרי למידה

בסיומו של קורס זה, סטודנטים יהיו מסוגלים:

- א) לכתוב קוד בשפת פייתון ברמה גבוהה
- ב) להשתמש בספריות תוכנה קיימות לצורך פתרון בעיות תכנות ביולוגיות
- ג) להמיר בעיה ביולוגית מחקרית לבעיה כמותית שניתן לפתור באמצעות כלים אנליטיים (תכנות, סטטיסטיקה, ויזואליזציה)
- ד) לאתר ולטפל במידע ביולוגי מולקולרי מתוך מאגרי מידע פומביים
- ה) לייצר תוצאות גרפיות ברמת פרסום מתוך אנליזה כמותית
- ו) יכולת התמצאות ולמידה עצמאית לצורך פתרון בעיות עתידיות בנושאי הקורס

דרישות נוכחות (%) :  
100

שיטת ההוראה בקורס: הרצאה (25%), מעבדה (75%)

רשימת נושאים / תכנית הלימודים בקורס:

- הבסיס של שפת פייתון (תחביר בסיסי, משתנים, לולאות, בקרת זרימה, פונקציות, וכו')
- ספריות למחקר כללי וביולוגי בשפת פייתון (לצרכי ניתוח כמותי, עבודה עם מאגרי מידע, טיפול ברצפים ביולוגיים, טיפול בוריאנטים גנטיים, סטטיסטיקה, ויזואליזציה, וכו')

- 
- טיפול בקבצי מידע ביולוגי ניסויי בפורמטים שונים
  - חשיפה למאגרי מידע ציבוריים למחקר ביורפואי
  - הכרת כלים לניתוח והצגה של גנומים וחלבונים

חבילות פייתון שילמדו במסגרת הקורס: `numpy`, `biopython`, `notebook`, `jupyter` & `ipython`, `scipy`, `pandas`, `statsmodels`, `matplotlib`, `pyvcf`  
רשימה (חלקית) של מאגרי מידע איתם נעבוד בקורס: `RefSeq NCBI`, `Browser Genome UCSC`, `ENCODE`, `UniProt`, `pfam`, `ClinVar`

חומר חובה לקריאה:  
ללא

חומר לקריאה נוספת:  
קורס תכנות בסיסי (ספר, טוטוריאל, או כל מקור אחר)

הערכת הקורס - הרכב הציון הסופי :  
מבחן מסכם בכתב/בחינה בעל פה 0 %  
הרצאה 10 %  
השתתפות 0 %  
הגשת עבודה 0 %  
הגשת תרגילים 20 %  
הגשת דו"חות 0 %  
פרויקט מחקר 70 %  
בחנים 0 %  
אחר 0 %

מידע נוסף / הערות:  
הרישום מותנה באישור של מורי הקורס והודעה רשמית על קבלה. רישום במערכת רישום נט אינו תקף בלי אישור המורים

דרוש ידע בסיסי בתכנות (לא משנה באיזו שפה), ניסיון מחקרי בביולוגיה/חקלאות/רפואה, והבנה של נושאים מרכזיים בגנטיקה וביולוגיה מולקולרית.  
מדובר בקורס ברמה גבוהה שדורש השקעה רבה מצד הסטודנטים.