СБМ

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ
СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ
РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ

Андрей Евгеньевич САМОЙЛОВ
н.с. лаб. математической биологии
и биоинформатики
НИИ СБМ Роспотребнадзора

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ПЛАН ЛЕКЦИИ

- ❑ Что такое биоинформатика и зачем она нужна
- ❑ Основные понятия и форматы данных
- ❑ SARS-CoV-2 и как его секвенировать
- ❑ Оценка качества сборки генома
- ❑ Заключительные мысли

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

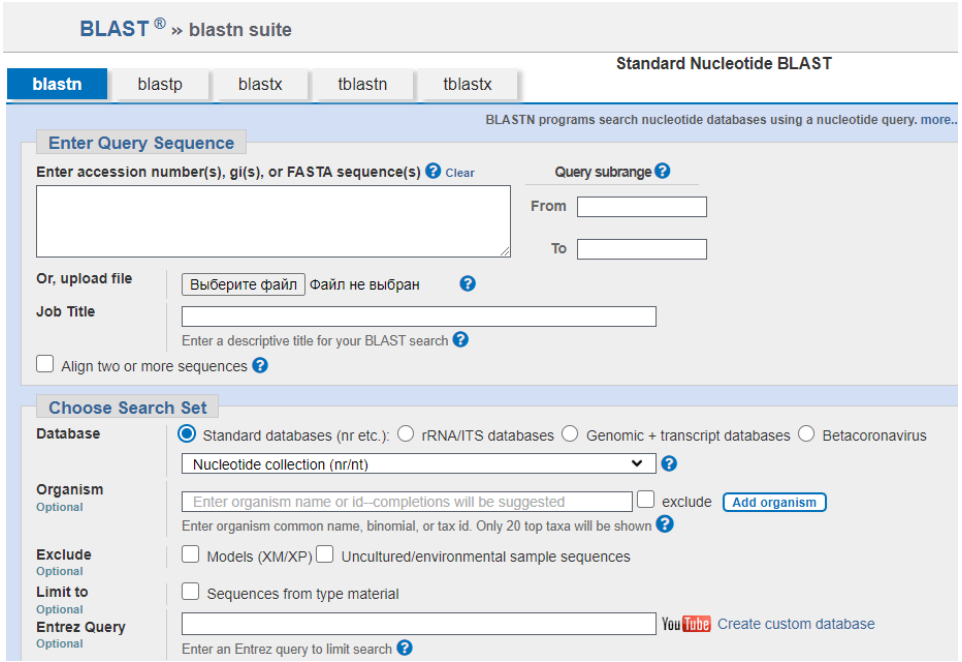
ЧТО ТАКОЕ БИОИНФОРМАТИКА?

БИОИНФОРМАТИКА…

- решает с вычислительной точки зрения крупномасштабные биологические проблемы (анализ “больших данных”).
- изучает и разрабатывает компьютерные методы в биологии.
- получает, анализирует, хранит, организует и визуализирует биологические данные.
- объединяет общую и молекулярную биологию, кибернетику, генетику, химию, компьютерные науки, математику, статистику.

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

КАК ВЫГЛЯДЯТ БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЕ ИНСТРУМЕНТЫ



для обычного человека

```
(blast) samoilov_ae@node2:~$ blastn -h
USAGE
  blastn [-h] [-help] [-import_search_strategy filename]
    [-export_search_strategy filename] [-task task_name] [-db database_name]
    [-dbsize num_letters] [-gilist filename] [-seqidlist filename]
    [-negative_gilist filename] [-negative_seqidlist filename]
    [-taxids taxids] [-negative_taxids taxids] [-taxidlist filename]
    [-negative_taxidlist filename] [-entrez_query entrez_query]
    [-db_soft_mask filtering_algorithm] [-db_hard_mask filtering_algorithm]
    [-subject subject_input_file] [-subject_loc range] [-query input_file]
    [-out output_file] [-evalue evalue] [-word_size int_value]
    [-gapopen open_penalty] [-gapextend extend_penalty]
    [-perc_identity float_value] [-qcov_hsp_perc float_value]
    [-max_hsps int_value] [-xdrop_ungap float_value] [-xdrop_gap float_value]
    [-xdrop_gap_final float_value] [-searchsp int_value]
    [-sum_stats bool_value] [-penalty penalty] [-reward reward] [-no_greedy]
    [-min_raw_gapped_score int_value] [-template_type type]
    [-template_length int_value] [-dust DUST_options]
    [-filtering_db filtering_database]
    [-window_masker_taxid window_masker_taxid]
    [-window_masker_db window_masker_db] [-soft_masking soft_masking]
    [-ungapped] [-culling_limit int_value] [-best_hit_overhang float_value]
    [-best_hit_score_edge float_value] [-subject_besthit]
    [-window_size int_value] [-off_diagonal_range int_value]
    [-use_index boolean] [-index_name string] [-lcase_masking]
    [-query_loc range] [-strand strand] [-parse_deflines] [-outfmt format]
    [-show_gis] [-num_descriptions int_value] [-num_alignments int_value]
    [-line_length line_length] [-html] [-sorthits sort_hits]
    [-sorthsps sort_hsps] [-max_target_seqs num_sequences]
    [-num_threads int_value] [-mt_mode int_value] [-remote] [-version]

DESCRIPTION
   Nucleotide-Nucleotide BLAST 2.13.0+

Use '-help' to print detailed descriptions of command line arguments
(blast) samoilov_ae@node2:~$
```

для биоинформатика

WWW.SYSBIOMED.RU

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ЗАЧЕМ ВАМ РАЗБИРАТЬСЯ В БИОИНФОРМАТИКЕ?

1

Чтобы заниматься биоинформатикой

2

Чтобы понимать биоинформатиков

2

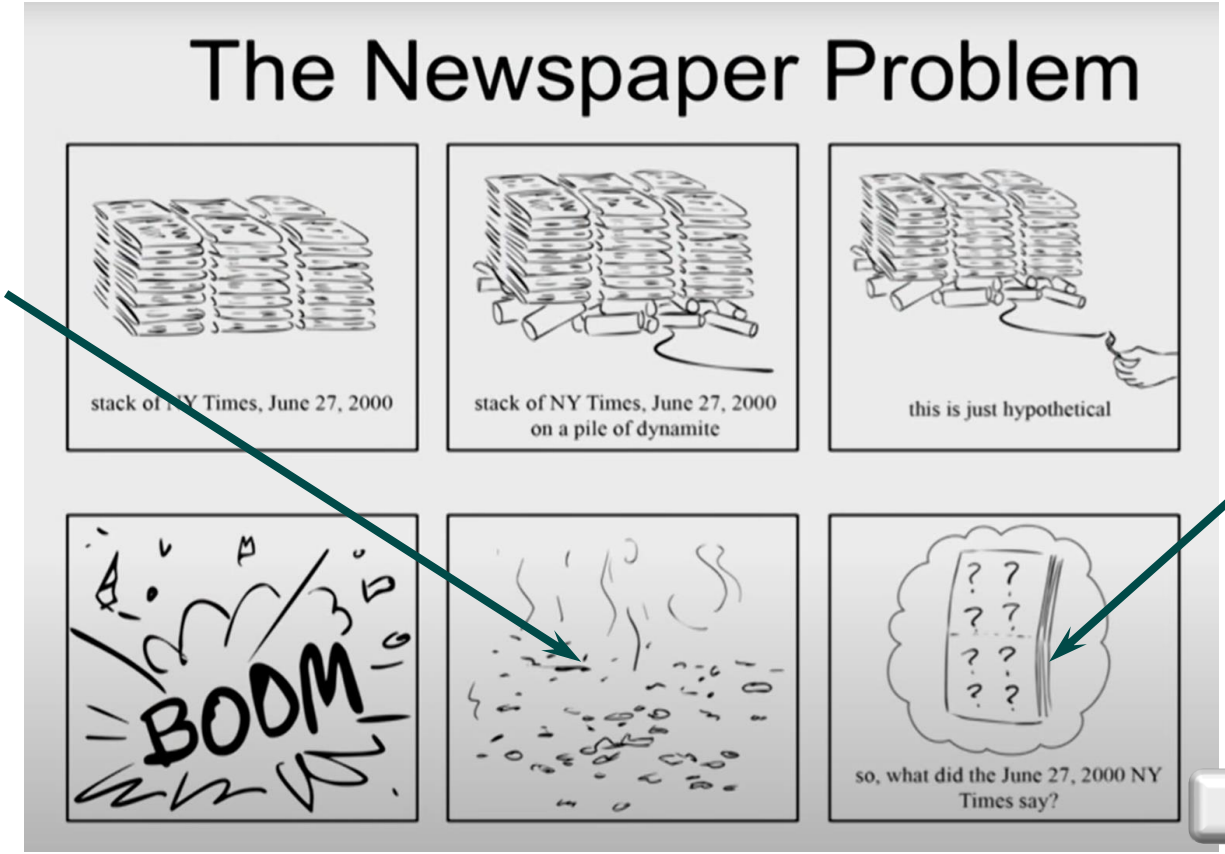
Так сказала А.Ю. Попова в интервью

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ЧТО ТАКОЕ СБОРКА ГЕНОМА?

fastq

fasta



НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ФОРМАТЫ ДАННЫХ: fastq

```
@8f22411e-8956-40a3-a942-b25361142afc runid=e050f9167258aead020787c40833e817266a7527
sampleid=Plate_3-4_2022_02_07 read=142463 ch=590 start_time=2022-02-10T18:00:47Z
barcode=barcode01

GACAGGTGTTTAACCAAGAAAGTTGTCGGTGTCTTTGTGGTTTTCTTATTTGGGTAGTAAAACAACTTTGGTTTTCGTGCGCCGCTTCAG
AGACAGGGTTTTACCATGTAATTCAGGTCTCGAACTCCTGACCTCAAGTGATCCACCCGCCTCAACTTCCCCAAGTGCTGGGATTACAGG
TGTGAGCCACCATGCCTGGCGTCATCTGGAATTCTGTCTCCTGGAAGAACTGTTTCTCGGCTACCCAGAATAGGTAGTTCCCTCCATTAC
ATGCTTTCTTTCTTTGCCCCTTATTTTTTTGTTTTATAGCATTAGCATTTTATGAACATAGTTGTTGCTTAAGGTAAGTGTGTTTGTGCT
GGCAGCGGAGCCATTGGAAGATTACAAACAGGGTAGTGACAAAATCCAGTTTGTATTTTGGAGATATCACTGCCCCTGTGGGGACAGCTG
GATGGGGTCAGTGTGGCTAAAGTCTCCTGTAGGGGAATGTGAGAGACAGAATGTCTGCAGCTGGTTAGGCGTGGTGGCTCACGCCTGTAA
TCCCAGCACTTTGGGAGACCAAGGCAGGTGGACTTGAGGTCAGGTGTTTGAACTGGCCTGGCAAACA

+

%$%$$%&.;?>>0///*)-2002=788//0>AAB;55(''''0,/(&%&'()'%$#$$%''),*),..+'%%&)),-
./1)('&'(*1234;{<0//?@>?:***082(%$$&()*018=<<@@BFADCCGC{SFA>>?@@DFB>>><::::HE5333;<?<?<258
:IFCHFFACBBABCD{83333BB;CEDEC:31149@=>>:-,,,,/<<=??>A0/1>9E68>?=..836@@$$$$&%&()-084-,*)-
/26;?25>A7A@=@@B<::<ECCDCB@B;9::439?ABGGBIU>@??AHGG7544777001*23ADC?>>===2222(((5560+)*,,
+)---
{BB@,,,)***+''&%&'((((*7741*))&&$%%&+15599989::FBCDDG@A<<=BBB?6544@0454/001<=<=?;;::>>AA'%
%&)+++,**2<>98887<0088B0-
++'%$%%&17818=*))0/6<B?BBAAC{B??BBCBA@;;;:;::;>@?A+**+?<;<<CACEDIF???@MHGR>GHDF@>>?FH{4545
C<<<=MC@=9889C?<2259@?@=A?=<<<<==:@;<;::::7)&%%&%'$
```

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ФОРМАТЫ ДАННЫХ: fasta

>NC_045512.2 Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome

ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAA
CGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAAC
TAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTG
TTGCAGCCGATCATCAGCACATCTAGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTC
CCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTCGCGACGTGCTCGTAC
GTGGCTTTGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGG
CTTAGTAGAAGTTGAAAAAGGCGTTTTGCCTCAACTTGAACAGCCCTATGTGTTCATCAAACGTTCGGAT
GCTCGAACTGCACCTCATGGTCATGTTATGGTTGAGCTGGTAGCAGAACTCGAAGGCATTCAGTACGGTC
GTAGTGGTGAGACACTTGGTGTCCTTGTCCCTCATGTGGGCGAAATACCAGTGGCTTACCGCAAGGTTCT
TCTTCGTAAGAACGGTAATAAAGGAGCTGGTGGCCATAGTTACGGCGCCGATCTAAAGTCATTTGACTTA
GGCGACGAGCTTGGCACTGATCCTTATGAAGATTTTCAAGAAAACTGGAACACTAAACATAGCAGTGGTG
TTACCCGTGAACTCATGCGTGAGCTTAACGGAGGGGCATACACTCGCTATGTCGATAACAACTTCTGTGG
CCCTGATGGCTACCCTCTTGAGTGCATTAAAGACCTTCTAGCACGTGCTGGTAAAGCTTCATGCACTTTG
TCCGAACAACTGGACTTTATTGACACTAAGAGGGGTGTATACTGCTGCCGTGAACATGAGCATGAAATTG

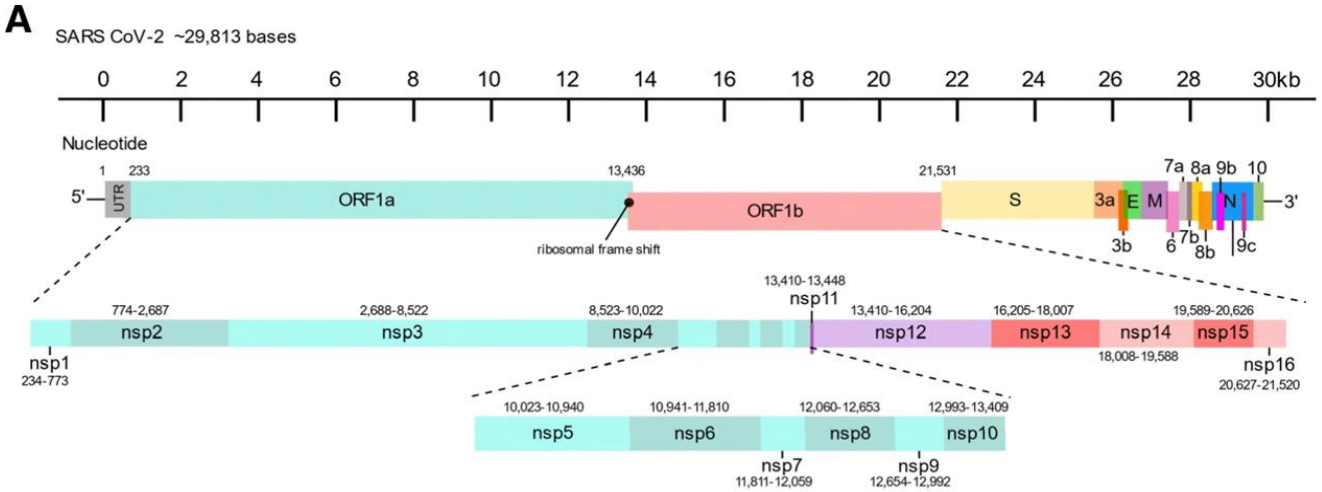
СБОРКА ГЕНОМА

1. Сборка *de novo*
   a. не требуется референсная последовательность
   b. подходит всегда, но результаты сложнее анализировать

2. Сборка с референсом
   a. нужно знать, что именно собираем, и иметь достаточно близкий референсный геном
   b. результат - готовый геном, который можно анализировать сразу

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

СТРУКТУРА ГЕНОМА SARS-CoV-2



C

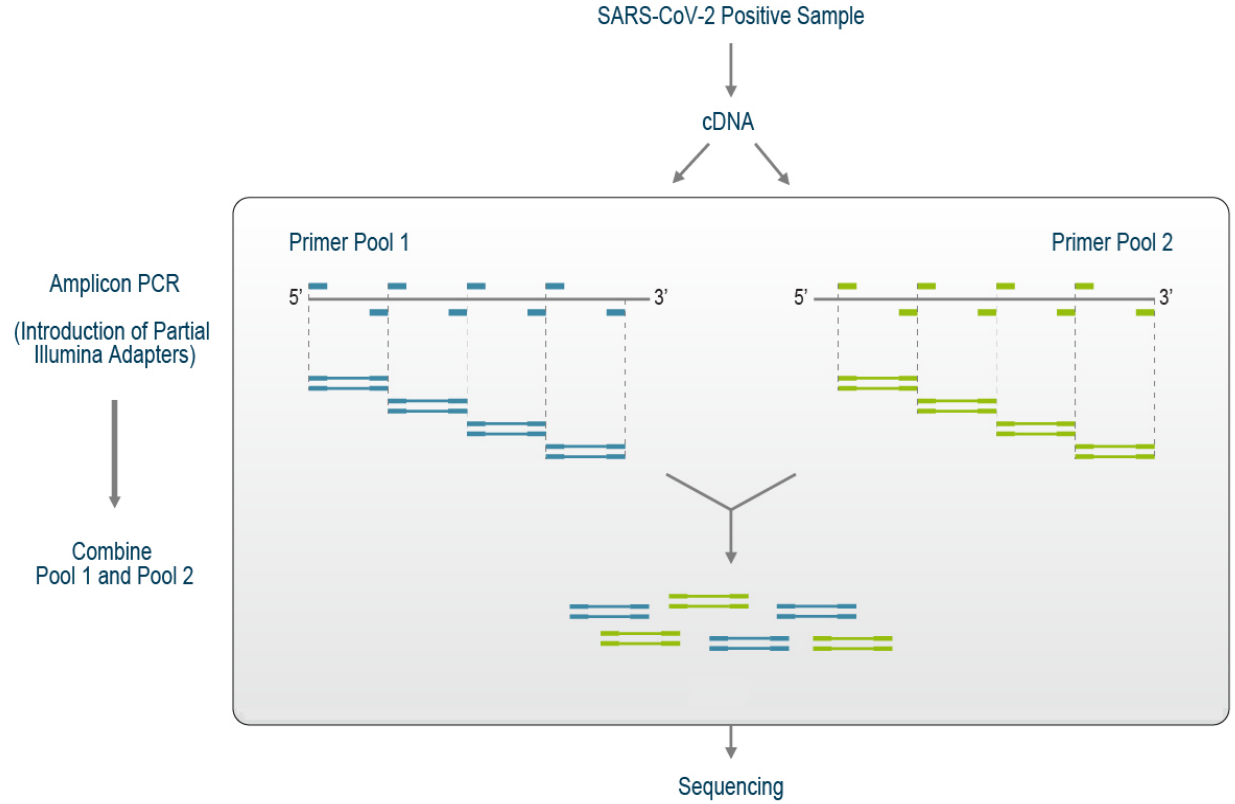
Percent identity matrix – full genome

1: SARS-CoV-2	100.00	86.85	81.25	81.58	79.34	78.40	80.09	96.75
2: SARS-CoV	86.85	100.00	78.31	77.09	75.59	74.81	76.30	86.56
3: MERS-CoV	81.25	78.31	100.00	79.39	77.76	77.06	78.20	80.81
4: HKU1	81.58	77.09	79.39	100.00	83.89	79.68	83.86	80.40
5: OC43	79.34	75.59	77.76	83.89	100.00	77.50	77.97	78.27
6: 229E	78.40	74.81	77.06	79.68	77.50	100.00	82.86	77.58
7: NL63	80.09	76.30	78.20	83.86	77.97	82.86	100.00	79.03
8: RaTG13	96.75	86.56	80.81	80.40	78.27	77.58	79.03	100.00

https://doi.org/10.1007/s40142-020-00197-5

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ПРОТОКОЛЫ ARTIC И MIDNIGHT



Без амплификации доля генетического материала SARS-CoV-2 в образце может составлять около 1% или существенно меньше!

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ПРОТОКОЛЫ ARTIC И MIDNIGHT

ARTIC

- 99 пар праймеров, разбитых на 2 пула
- характерный размер ампликона - 300 п.о.

Midnight

- 29 пар праймеров, разбитых на 2 пула
- характерный размер ампликона - 1200 п.о.

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ПРОТОКОЛЫ ARTIC И MIDNIGHT: НЕДОСТАТКИ

Так как почти все их используют, то у всех одни и те же проблемы:

- появление мутации в месте посадки праймера ⇒ амплификация не происходит ⇒ часть генома невозможно отсеквенировать

или

- появление мутации в месте посадки праймера ⇒ не можем её найти, так как мешают праймеры (если вдруг не удалось от них избавиться в процессе обработки)

В протоколе ARTIC праймеры занимают около 15% генома.
По указанным причинам до 30% геномов варианта Дельта
и 60% геномов линии BA.2 (Омикрон)
содержат меньше мутаций, чем должны!

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

КРИТЕРИИ КАЧЕСТВА ГЕНОМНОЙ СБОРКИ

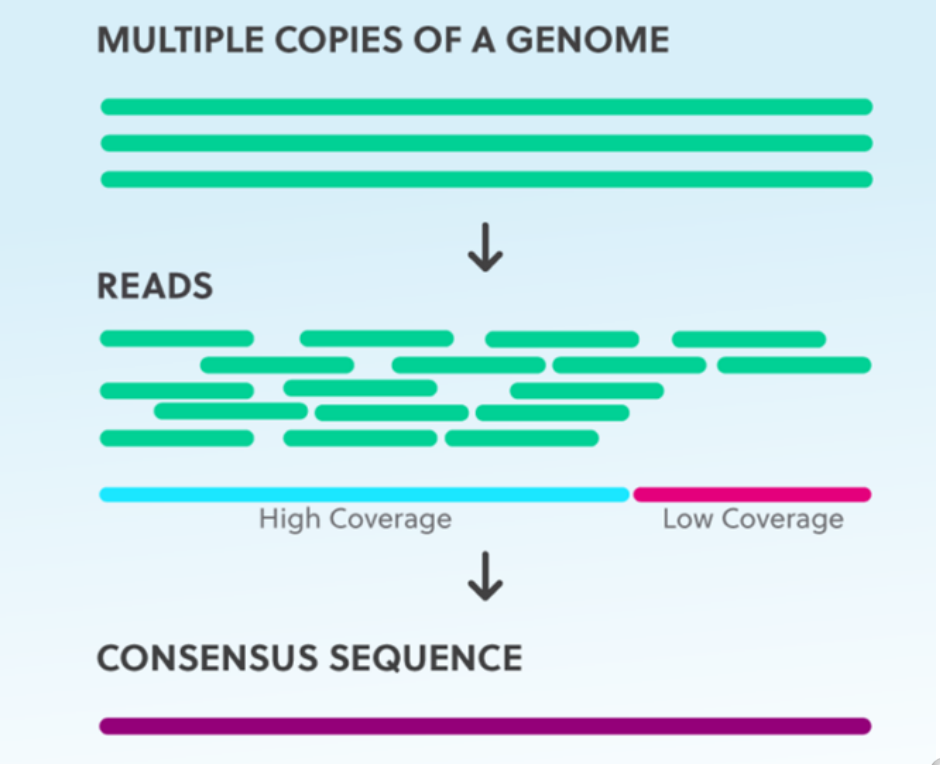
1. Глубина покрытия
   a. покрытие отдельного нуклеотида - сколько раз мы прочитали этот нуклеотид
   b. покрытие генома - сколько в среднем прочтений приходится на каждый нуклеотид генома

   Для обработки данных SARS-CoV-2 платформы Oxford Nanopore по умолчанию достаточным считается покрытие 20, если покрытие меньше, ставится буква N.

2. Ширина покрытия - доля длины генома с достаточным покрытием.

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ПОКРЫТИЕ КАК ВАЖНЫЙ КРИТЕРИЙ СБОРКИ



НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

КАК ВЫГЛЯДИТ КАЧЕСТВЕННО СОБРАННЫЙ ГЕНОМ (ширина 99%)

>barcode01 MN908947.3

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACTTTAAAATC
TGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAACTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGT
AACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTGTTGCAGCCGATCATCAGCACATCTAGGTTTTGTCCGGGTGTG
ACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTCG
CGACGTGCTCGTACGTGGCTTTGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGG
CTTAGTAGAAGTTGAAAAAGGCGTTTTGCCTCAACTTGAACAGCCCTATGTGTTCATCAAACGTTCGGATGCTCGAACTGCACC
TCATGGTCATGTTATGGTTGAGCTGGTAGCAGAACTCGAAGGCATTCAGTACGGTCGTAGTGGTGAGACACTTGGTGTCCTTGT
CCCTCATGTGGGCGAAATACCAGTGGCTTACCGCAAGGTTCTTCTTCGTAAGAACGGTAATAAAGGAGCTGGTGGCCATAGGTA
CGGCGCCGATCTAAAGTCATTTGACTTAGGCGACGAGCTTGGCACTGATCCTTATGAAGATTTTCAAGAAAACTGGAACACTAA
ACATAGCAGTGGTGTTACCCGTGAACTCATGCGTGAGCTTAACGGAGGGGCATACACTCGCTATGTCGATAACAACTTCTGTGG
CCCTGATGGCTACCCTCTTGAGTGCATTAAAGACCTTCTAGCACGTGCTGGTAAAGCTTCATGCACTTTGTCCGAACAACTGGA
CTTTATTGACACTAAGAGGGGTGTATACTGCTGCCGTGAACATGAGCATGAAATTGCTTGGTACACGGAACGTTCTGAAAAGAG
CTATGAATTGCAGACACCTTTTGAAATTAAATTGGCAAAGAAATTTGACACCTTCAATGGGGAATGTCCAAATTTTGTATTTCC
CTTAAATTCCATAATCAAGACTATTCAACCAAGGGTTGAAAAGAAAAAGCTTGATGGCTTTATGGGTAGAATTCGATCTGTCTA
TCCAGTTGCGTCACCAAATGAATGCAACCAAATGTGCCTTTCAACTCTCATGAAGTGTGATCATTGTGGTGAAACTTCATGGCA
GACGGGCGATTTTGTTAAAGCCACTTGCGAATTTTGTGGCACTGAGAATTTGACTAAAGAAGGTGCCACTACTTGTGGTTACTT
ACCCCAAAATGCTGTTGTTAAAATTTATTGTCCAGCATGTCACAATTCAGAAGTAGGACCTGAGCATAGTCTTGCCGAATACCA
TAATGAATCTGGCTTGAAAACCATTCTTCGTAAGGGTGGTCGCACTATTGCCTTTGGAGGCTGTGTGTTCTCTTATGTTGGTTG

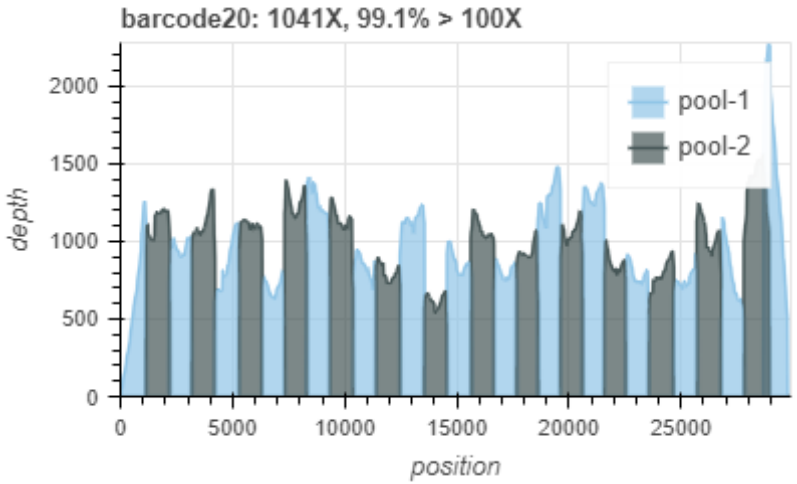
КАК ВЫГЛЯДИТ НЕКАЧЕСТВЕННО СОБРАННЫЙ ГЕНОМ

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ
СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ
РОСПОТРЕБНАДЗОРА

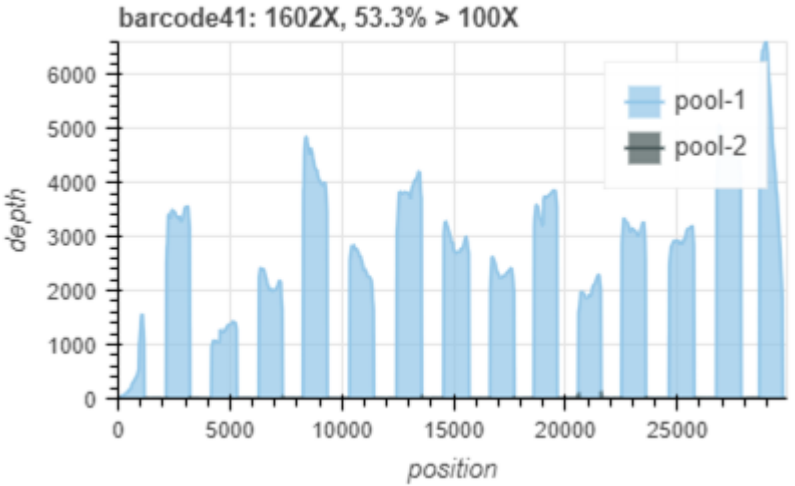
```
>barcode01 MN908947.3
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
```

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ОДНОРОДНОСТЬ ПОКРЫТИЯ - ЭТО ВАЖНО!



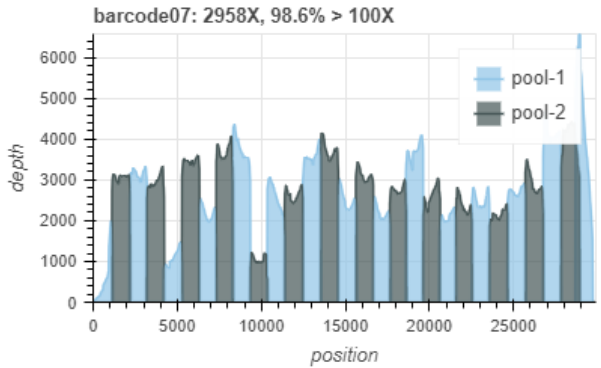
Однородное покрытие

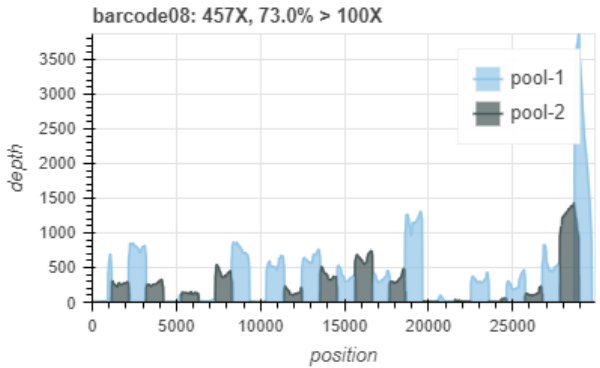


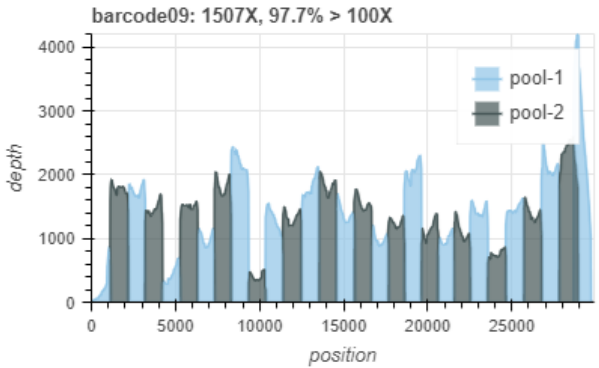
Неоднородное покрытие
(нет амплификации в пуле № 2)

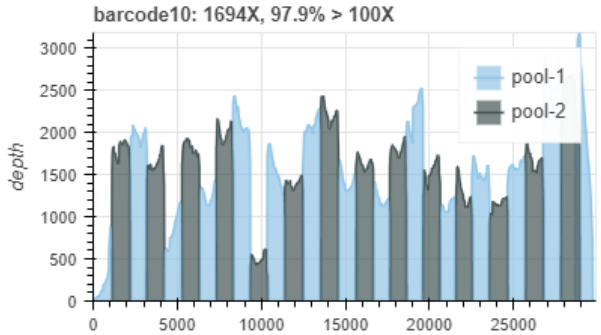
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

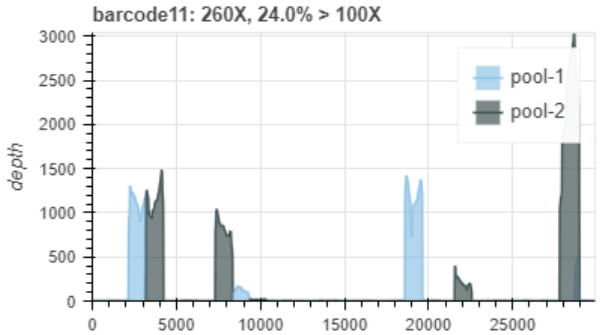
ГРУСТНАЯ (НО ТИПИЧНАЯ) СИТУАЦИЯ В ЖИЗНИ...

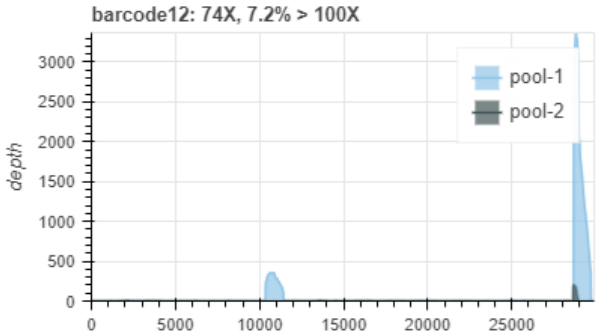












WWW.SYSBIOMED.RU

СБМ
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ
РОСПОТРЕБНАДЗОРА

КАК ЕЩЁ МОЖНО ПРИМЕНИТЬ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ И БИОИНФОРМАТИКУ?

- Диагностика инфекционных заболеваний
- Исследование внутрибольничных инфекций
- Поиск генов антибиотикорезистентности
- Валидация бактериальных и вирусных коллекций

… и многое другое!

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

ГДЕ УЧИТЬСЯ БИОИНФОРМАТИКЕ?

Bioinformatics Institute

Подписаться 1М подписчиков

Bioinformatics Institute is the first non-governmental non-commercial bioinformatics research and educational institution in Russia.

Bioinformatics Institute's mission is to educate the new generation of highly qualified specialists in the field of bioinformatics and to popularize Bioinformatics in Russia.

The Institute's programs and events are open to students and professionals with Mathematics, Software Engineering, or Biology background. Apart from several offline educational initiatives, we develop a series of open online courses.

Быстрый поиск курсов (по названию или ID)

Программирование на Python
Bioinformatics Institute
★ 4.7 678K 19 ч
Бесплатно

Основы статистики
Bioinformatics Institute
★ 4.9 238K 7 ч
Бесплатно

Python: основы и применение
Bioinformatics Institute

Введение в Linux
Bioinformatics Institute

https://stepik.org/org/bioinf

WWW.SYSBIOMED.RU

СБМ

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ
СИСТЕМНОЙ БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ
РОСПОТРЕБНАДЗОРА

WWW.SYSBIOMED.RU

Спасибо за внимание!