# BIODATA ANALYTICS

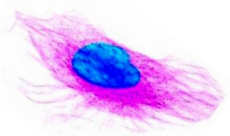
## Образовательные и информационно-консультативные услуги в области анализа больших биологических и медицинских данных

Мы предлагаем **образовательные курсы**, а также **курсы повышения квалификации** в области анализа больших биологических и медицинских данных по следующим специальным дисциплинам:

- основы программирования на языке R;
- биологическая и медицинская статистика;
- интеллектуальный анализ биологических и медицинских данных;
- анализ геномных данных;
- анализ эпигеномных данных;
- анализ транскриптомных данных;
- введение в биологические и медицинские базы данных;
- визуализация больших биологических и медицинских данных.

Все курсы **практико-ориентированные**. Лекции и практические занятия ведут преподаватели и ученые с **многолетним опытом** образовательной и научной работы.

**Участниками** образовательных программ могут быть **студенты** старших курсов, **магистранты** и **аспиранты**, а также заинтересованные в совершенствовании и дальнейшем развитии своих профессиональных знаний и навыков **преподаватели**, **научные сотрудники** и **медицинские работники** профильных ВУЗов, научных и медицинских учреждений. После окончания курсов возможна выдача **сертификата** государственного образца.



Мы также предлагаем сотрудничество в **разработке** специализированного **программного обеспечения** для работы с большими биологическими и медицинскими данными.

Примерами наших успешных программных разработок могут быть R/C++ и Java пакеты *ORFhunteR* и *CelNetAnlazer*, соответственно.

### *ORFhunteR*

**Пакет ORFhunteR** предназначен для автоматического обнаружения и аннотирования открытых рамок считывания в больших наборах сиквенсов РНК человека, включая молекулы РНК, реконструируемые по данным полнотранскриптомного секвенирования. Пакет доступен через GitHub (https://github.com/rfctbio-bsu/ORFhunteR), Bioconductor (https://bioconductor.org/packages/devel/bioc/html/ORFhunteR.html) или как Web-приложение (https://orfhunter.bsu.by).

### *CelNetAnlazer*

**Пакет *CelNetAnlazer*** предназначен для топологического анализа больших ненаправленных молекулярных сетей клетки. Пакет доступен для некоммерческого использования как свободно скачиваемый архив (http://bio.bsu.by/genetics/files/celnetanalyzer.7z), содержащий GUI версию программы, исходный код, руководство пользователя и эталонную сеть для тестирования программы.

Эти и другие наши программные разработки могут использоваться как в фундаментальных, так и в прикладных исследованиях, включая персонализированную медицину.

Кроме того, мы рассматриваем также варианты информационно-консультативного сотрудничества, в рамках которого мы можем оказывать **прямую помощь в анализе** больших биологических и медицинских данных, их интерпретации и визуализации. Данные могут быть **любой сложности**, арсенал аналитических инструментов – от стандартных статистических методов до алгоритмов **машинного обучения**, **визуализация** – во всем ее разнообразии.

**Более подробно** обо всех наших инициативах Вы можете узнать, посетив наш тематический сайт https://biodata-analytics.sstcenter.com
Посмотреть **пробные видеолекции** Вы можете на нашем образовательном YouTube канале (https://www.youtube.com/channel/UCYQ8QwQAX8ubVYYuegxNTYQ), воспользовавшись плейлистом «R Programming Basics».

**По всем вопросам сотрудничества** Вы можете обращаться к любому представителю нашей команды, в частности:


***Василий Викторович Гринев***

Телефон рабочий: +375 (17) 209-58-60.
E-mail: grinev_vv@bsu.by
Internet: http://www.bio.bsu.by/genetics/grinev_ru.html

***Виктор Васильевич Скакун***

Телефон рабочий: +375 (17) 398-70-42
E-mail: skakun@bsu.by
Internet: https://rfe.bsu.by/info/people/staff/prepodavateli/61650/skakun

***Николай Николаевич Яцков***

Телефон рабочий: +375 (17) 398-02-22
E-mail: yatskou@bsu.by
Internet: https://rfe.bsu.by/info/people/staff/prepodavateli/61650/61525

**Почтовый адрес:**
Белорусский государственный университет,
пр. Независимости, д. 4,
220030, г. Минск, Республика Беларусь.