

МИНОБРНАУКИ РОССИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«ВОРОНЕЖСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
(ФГБОУ ВО «ВГУ»)

УТВЕРЖДАЮ

Заведующий кафедрой  
Математического и прикладного анализа  
А.И. Шашкин  
подпись, расшифровка подписи  
21.06.2019 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ**

Б1.В.15 Алгоритмы в биоинформатике

*Код и наименование дисциплины в соответствии с учебным планом*

**1. Код и наименование направления подготовки/специальности:**

*01.03.02 Прикладная математика и информатика*

**2. Профиль подготовки/специализация:**

*Математические и компьютерные методы решения задач естествознания*

**3. Квалификация (степень) выпускника: бакалавр**

**4. Форма обучения: очная**

**5. Кафедра, отвечающая за реализацию дисциплины:**

*0606 Математического и прикладного анализа*

---

**6. Составители программы:**

*Шишкина Элина Леонидовна, к. ф.-м.н, доцент*

*(ФИО, ученая степень, ученое звание)*

**7. Рекомендована: НМС факультета ПММ от 21.06.2019 протокол №9**

*(наименование рекомендующей структуры, дата, номер протокола,*

---

*отметки о продлении вносятся вручную)*

---

**8. Учебный год: 2019-2020**

**Семестр(ы): 6**

### 9. Цели и задачи учебной дисциплины:

Целью дисциплины «Алгоритмы в биоинформатике» является овладение студентами знаниями и умениями анализировать медицинскую и биологическую информацию для рационализации методов диагностики и лечения различных заболеваний и управления биообъектами. Основу данного курса составляют математические методы компьютерного анализа, программирование, теория вероятностей, математическая статистика, дискретная математика, теория графов.

Задачами дисциплины «Алгоритмы в биоинформатике» являются

1. изучение алгоритмического аппарата, применяемого в биоинформатике;
2. овладение основными средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информации;
3. обучение использованию основных биологических баз данных, в том числе содержащих геномную, структурную и другую информацию, в научно-исследовательской работе;
4. приобретение способности на научной основе организовать свой труд, владение методами сбора, хранения систематизации и обработки информации, в том числе статистическими, компьютерными методами, применяемыми в сфере его профессиональной деятельности;
5. изучение существующих алгоритмов обработки генетической информации;
6. приобретение способности на базе изученных программных средств создавать компьютерные программы, используемые в биоинформатике и самостоятельно осваивать новые ресурсы (базы данных и программы) и экспериментальные методы.

### 10. Место учебной дисциплины в структуре ООП:

Дисциплина «Алгоритмы в биоинформатике» является обязательной дисциплиной вариативной части профессионального цикла.

### 11. Планируемые результаты обучения по дисциплине/модулю (знания, умения, навыки), соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы (компетенциями выпускников):

Компетенция		Планируемые результаты обучения
Код	Название	
ПК-2	способность понимать, совершенствовать и применять современный математический аппарат	Знает: концепции непрерывного образования в области естественно-математических дисциплин, основные математические приложения и физические законы, явления и процессы, на которых основаны принципы действия объектов профессиональной деятельности. Умеет: использовать способы формализации проблем, возникающих в ходе профессиональной деятельности. Владеет: базовыми технологиями поиска, хранения и преобразования информации

### 12. Объем дисциплины в зачетных единицах/час.(в соответствии с учебным планом) — 3/108.

Форма промежуточной аттестации экзамен.

### 13. Виды учебной работы

Вид учебной работы		Трудоемкость		
		Всего	По семестрам	
			6 семестр	№ семестра
Аудиторные занятия				
в том числе:	лекции	16	16	
	практические	16	16	
	лабораторные	16	16	
Самостоятельная работа		24	24	
Форма промежуточной аттестации (зачет – 0 час. / экзамен – __ час.)		36	36	
Итого:		108	108	

### 13.1. Содержание дисциплины

п/п	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела дисциплины
<b>1. Лекции</b>		
1.1	Основы молекулярных вычислений	Строение ДНК. Дезоксирибонуклеотиды. Азотистые основания. Строение РНК. Способы соединения нуклеотидов. Комплементарность Уотсона-Крика. Измеряемые характеристики. Измерение длины молекулы ДНК. Операции над ДНК: разделение и соединение цепочек ДНК. Удлинение ДНК. Укорочение ДНК. Разрезание ДНК. Сшивка ДНК. Модификация нуклеотидов ДНК. Секвенирование. Опыт Эдлмана решения задачи о поиске гамильтонова пути в графе. Стикерная модель молекулярных вычислений.
1.2	Базы данных и основные методы биоинформатики	Перечень и основы работы с базами данных, содержащих расшифрованные коды ДНК, РНК и белков и пространственные структуры белков. Анализ имеющихся в свободном доступе инструментов обработки биологической информации.
1.3	Алгоритмы поиска точки начала репликации генома	Поиск подстроки в строке. Первая оптимизация алгоритма поиска подстроки в строке. Вторая оптимизация алгоритма поиска подстроки в строке.
1.4	Выравнивание и определение сходства биологических последовательностей	Точечная матрица сходства. Расстояние Левенштейна. Методы выравнивания двух и более биологических последовательностей. Алгоритмы и программная реализация выравнивания.
1.5	Биоинформатика и компьютерное конструирование лекарств	Секвенирование антибиотиков. Brute force алгоритм. Спектральный анализ.
<b>2. Практические занятия</b>		
2.1	Основы молекулярных вычислений	Строение ДНК. Дезоксирибонуклеотиды. Азотистые основания. Строение РНК. Способы соединения нуклеотидов. Комплементарность Уотсона-Крика. Измеряемые характеристики. Измерение длины молекулы ДНК. Операции над ДНК: разделение и соединение цепочек ДНК. Удлинение ДНК. Укорочение ДНК. Разрезание ДНК. Сшивка ДНК. Модификация нуклеотидов ДНК. Секвенирование. Опыт Эдлмана решения задачи о поиске гамильтонова пути в графе. Стикерная модель молекулярных вычислений.
2.2	Базы данных и основные методы биоинформатики	Перечень и основы работы с базами данных, содержащих расшифрованные коды ДНК, РНК и белков и пространственные структуры белков. Анализ имеющихся в свободном доступе инструментов обработки биологической информации.
2.3	Алгоритмы поиска точки начала репликации генома	Поиск подстроки в строке. Первая оптимизация алгоритма поиска подстроки в строке. Вторая оптимизация алгоритма поиска подстроки в строке.

2.4	Выравнивание и определение сходства биологических последовательностей	Точная матрица сходства. Расстояние Левенштейна. Методы выравнивания двух и более биологических последовательностей. Алгоритмы и программная реализация выравнивания.
2.5	Биоинформатика и компьютерное конструирование лекарств	Секвенирование антибиотиков. Brute force алгоритм. Спектральный анализ.
<b>3. Лабораторные работы</b>		
3.1	Основы молекулярных вычислений	Комплементарность Уотсона-Крика. Измеряемые характеристики. Измерение длины молекулы ДНК. Операции над ДНК: разделение и соединение цепочек ДНК. Удлинение ДНК. Укорочение ДНК. Разрезание ДНК. Сшивка ДНК. Модификация нуклеотидов ДНК. Секвенирование. Опыт Эдмана решения задачи о поиске гамильтонова пути в графе. Стикерная модель молекулярных вычислений.
3.2	Базы данных и основные методы биоинформатики	Перечень и основы работы с базами данных, содержащих расшифрованные коды ДНК, РНК и белков и пространственные структуры белков. Анализ имеющихся в свободном доступе инструментов обработки биологической информации.
3.3	Алгоритмы поиска точки начала репликации генома	Поиск подстроки в строке. Первая оптимизация алгоритма поиска подстроки в строке. Вторая оптимизация алгоритма поиска подстроки в строке.
3.4	Выравнивание и определение сходства биологических последовательностей	Точная матрица сходства. Расстояние Левенштейна. Методы выравнивания двух и более биологических последовательностей. Алгоритмы и программная реализация выравнивания.
3.5	Биоинформатика и компьютерное конструирование лекарств	Секвенирование антибиотиков. Brute force алгоритм. Спектральный анализ.

### 13.2. Темы (разделы) дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование темы (раздела) дисциплины	Виды занятий (часов)				
		Лекции	Практические	Лабораторные	Самостоятельная работа	Всего
1	Основы молекулярных вычислений	3	3	3	4	13
2	Базы данных и основные методы биоинформатики	4	4	4	5	17
3	Алгоритмы поиска точки начала репликации генома	3	3	3	5	14
4	Выравнивание и определение сходства биологических последовательностей	3	3	3	5	14
5	Биоинформатика и компьютерное конструирование лекарств	3	3	3	5	14
	Итого:	16	16	16	24	72

### 14. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины

Следует систематически посещать лекционные и семинарские занятия. Материалы этих занятий следует внимательно изучать и регулярно выполнять домашние задания. На занятиях нужно вести себя активно. Для достижения хороших результатов при изучении дисциплины студентам также необходимо самостоятельно разбирать материалы лекций и соответствующие темы в рекомендованных учебниках.

### 15. Перечень основной и дополнительной литературы, ресурсов интернет, необходимых для освоения дисциплины (список литературы оформляется в соответствии с требованиями ГОСТ и используется общая сквозная нумерация для всех видов источников)

а) основная литература:

№ п/п	Источник
1	Леск А. Введение в биоинформатику // А. Леск. М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2009. 318 с.
2	Каменская М. А. Информационная биология : учеб. пособие для студ. вузов, обуч. по

	направл. подгот. бакалавров и магистров 020200 "Биология" и биол. специальностям / Каменская М. А. ; под ред. А. А. Каменского. @ М. : Академия, 2006. 368 с.
3	Нефедов Е. И. Современная биоинформатика // Е. И. Нефедов, Т. И. Субботина, А. А. Яшин. М.: Горячая линия – Телеком, 2005. 272 с.
4	Эймс М. Теоретические и экспериментальные ДНК -вычисления. Шпрингер-Ферлаг, 2005.(англ. M.Amos. Theoretical and Experimental DNA Computation. Springer-Verlag, 2005).

б) дополнительная литература:

№ п/п	Источник
5	Бененсон Я. Шапиро Э. Компьютеры из ДНК . «В мире науки» стр. 35-41, No 9, 2006.
6	Пентус А. Е., Пентус М. Р. Теория формальных языков: Учеб. пособие. Москва, 2004.

в) информационные электронно-образовательные ресурсы (официальные ресурсы интернет)\*:

№ п/п	Источник
7	<a href="http://www.vsu.ru">http://www.vsu.ru</a>
8	<a href="https://lanbook.lib.vsu.ru">https://lanbook.lib.vsu.ru</a>
9	<a href="http://www.znanium.com">http://www.znanium.com</a>
10	<a href="http://www.book.ru/">http://www.book.ru/</a>

**16. Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы** (учебно-методические рекомендации, пособия, задачки, методические указания по выполнению практических (контрольных) работ и др.)

№ п/п	Источник
1	Леск А. Введение в биоинформатику // А. Леск. М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2009. 318 с.
2	Каменская М. А. Информационная биология : учеб. пособие для студ. вузов, обуч. по направл. подгот. бакалавров и магистров 020200 "Биология" и биол. специальностям / Каменская М. А. ; под ред. А. А. Каменского. @ М. : Академия, 2006. 368 с.
3	Нефедов Е. И. Современная биоинформатика // Е. И. Нефедов, Т. И. Субботина, А. А. Яшин. М.: Горячая линия – Телеком, 2005. 272 с.
4	Эймс М. Теоретические и экспериментальные ДНК -вычисления. Шпрингер-Ферлаг, 2005.(англ. M.Amos. Theoretical and Experimental DNA Computation. Springer-Verlag, 2005).
5	Бененсон Я. Шапиро Э. Компьютеры из ДНК . «В мире науки» стр. 35-41, No 9, 2006.
6	Пентус А. Е., Пентус М. Р. Теория формальных языков: Учеб. пособие. Москва, 2004.
7	<a href="http://www.vsu.ru">http://www.vsu.ru</a>
8	<a href="https://lanbook.lib.vsu.ru">https://lanbook.lib.vsu.ru</a>
9	<a href="http://www.znanium.com">http://www.znanium.com</a>
10	<a href="http://www.book.ru/">http://www.book.ru/</a>

**17. Информационные технологии, используемые для реализации учебной дисциплины, включая программное обеспечение и информационно-справочные системы (при необходимости)**

Компьютерный класс со специальным программным обеспечением.

**18. Материально-техническое обеспечение дисциплины:**

(при использовании лабораторного оборудования указывать полный перечень, при большом количестве оборудования можно вынести данный раздел в приложение к рабочей программе)

Компьютерный класс

**19. Фонд оценочных средств:**

**19.1. Перечень компетенций с указанием этапов формирования и планируемых результатов обучения**

Код и содержание компетенции (или ее части)	Планируемые результаты обучения (показатели достижения заданного уровня освоения компетенции посредством формирования знаний, умений, навыков)	Этапы формирования компетенции (разделы (темы) дисциплины или модуля и их наименование)	ФОС* (средства оценивания)

ПК-2 способность понимать, совершенствовать и применять современный математический аппарат	Знает: концепции непрерывного образования в области естественно-математических дисциплин, основные математические приложения и физические законы, явления и процессы, на которых основаны принципы действия объектов профессиональной деятельности.	основы работы с базами данных, содержащих расшифрованные коды ДНК, РНК и белков и пространственные структуры белков. Анализ имеющихся в свободном доступе инструментов обработки биологической информации.	Практические и лабораторные занятия
	Умеет: использовать способы формализации проблем, возникающих в ходе профессиональной деятельности.	Точечная матрица сходства. Расстояние Левенштейна. Методы выравнивания двух и более биологических последовательностей. Алгоритмы и программная реализация выравнивания.	Практические и лабораторные занятия
<b>Промежуточная аттестация</b>			<b>КИМ</b>

## 19.2 Описание критериев и шкалы оценивания компетенций (результатов обучения) при промежуточной аттестации

Для оценивания результатов обучения на экзамене используются следующие показатели:

- 1) знание учебного материала и владение понятийным аппаратом биоинформатики;
- 2) умение иллюстрировать ответ примерами, фактами, данными научных исследований;
- 3) владение математическими и информационными методами формализации и решения задач биоинформатики.

Для оценивания результатов обучения на экзамене используется 4-х балльная шкала: «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

Соотношение показателей, критериев и шкалы оценивания результатов обучения.

Критерии оценивания компетенций	Уровень сформированности компетенций	Шкала оценок
Обучающийся в полной мере владеет понятийным аппаратом биоинформатики, способен иллюстрировать ответ примерами, фактами, данными научных исследований, применять теоретические знания для решения задач в области биоинформатики. Правильные ответы на вопросы билета, правильно решенная задача, правильные ответы на дополнительные вопросы	<i>Повышенный уровень</i>	<i>Отлично</i>
Ответ на контрольно-измерительный материал не соответствует двум из перечисленных показателей, но обучающийся дает правильные ответы на дополнительные вопросы. Содержатся отдельные пробелы в теоретических знаниях.	<i>Базовый уровень</i>	<i>Хорошо</i>
Ответ на контрольно-измерительный материал не	<i>Пороговый</i>	<i>Удовлетвори-</i>

соответствует любым трем из перечисленных показателей, обучающийся дает неполные ответы на дополнительные вопросы. Демонстрирует частичные знания теоретического материала.	<i>уровень</i>	<i>тельно</i>
Ответ на контрольно-измерительный материал не соответствует любым четырем из перечисленных показателей. Обучающийся демонстрирует отрывочные, фрагментарные теоретические знания, допускает грубые ошибки при решении контрольных заданий.	–	<i>Неудовлетвори- тельно</i>

### **19.3 Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующие этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы**

#### **19.3.1 Перечень вопросов к экзамену:**

1. Строение ДНК. Дезоксирибонуклеотиды. Азотистые основания.
2. Строение РНК. Способы соединения нуклеотидов.
3. Комплементарность Уотсона-Крика.
4. Изменяемые характеристики. Измерение длины молекулы ДНК.
5. Операции над ДНК: разделение и соединение цепочек ДНК. Удлинение ДНК. Укорочение ДНК. Разрезание ДНК. Сшивка ДНК.
6. Модификация нуклеотидов ДНК. Секвенирование.
7. Опыт Эдлмана решения задачи о поиске гамильтонова пути в графе.
8. Стикерная модель молекулярных вычислений.
9. Перечень и основы работы с базами данных, содержащих расшифрованные коды ДНК, РНК и белков и пространственные структуры белков.
10. Анализ имеющихся в свободном доступе инструментов обработки биологической информации.
11. Точечная матрица сходства. Расстояние Левенштейна.
12. Методы выравнивания двух и более биологических последовательностей.
13. Алгоритмы и программная реализация выравнивания.
14. Секвенирование антибиотиков.
15. Brute force алгоритм.
16. Спектральный анализ

#### **19.3.2 Перечень практических заданий**

#### **19.3.4 Тестовые задания**

#### **19.3.4 Перечень заданий для контрольных работ**

#### **19.3.5 Темы курсовых работ**

#### **19.3.6 Темы рефератов**

### **19.4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций**

Оценка знаний, умений и навыков, характеризующая этапы формирования компетенций в рамках изучения дисциплины осуществляется в ходе текущей и промежуточной аттестаций.

Текущая аттестация проводится в соответствии с Положением о текущей аттестации обучающихся по программам высшего образования Воронежского государственного университета. Текущая аттестация проводится в форме(ах): *устного опроса и письменных работ*. Критерии оценивания приведены выше.

Промежуточная аттестация проводится в соответствии с Положением о промежуточной аттестации обучающихся по программам высшего образования.

Контрольно-измерительные материалы промежуточной аттестации включают в себя теоретические вопросы, позволяющие оценить уровень полученных знаний и практическое(ие) задание(я), позволяющее(ие) оценить степень сформированности умений и(или) навыков.

При оценивании используются качественные шкалы оценок. Критерии оценивания приведены выше.