

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
23.03.2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

Б1.В.14 Алгоритмы биоинформатики

Код и наименование дисциплины в соответствии с учебным планом

1. Код и наименование направления подготовки/специальности:

02.03.02 Фундаментальная информатика и информационные технологии

2. Профиль подготовки/специализация:

Инженерия программного обеспечения

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, д. ф.-м.н, доцент

(ФИО, ученая степень, ученое звание)

7. Рекомендована: НМС факультета ПММ от 22.03.2024 протокол №3

(наименование рекомендующей структуры, дата, номер протокола,

отметки о продлении вносятся вручную)

8. Учебный год: 2024-2025

Семестр(ы): 8

9. Цели и задачи учебной дисциплины:

Целью дисциплины «Алгоритмы биоинформатики» 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 биоинформатики» 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 биоинформатики» 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) — 2/72.

Форма промежуточной аттестации зачет

13. Виды учебной работы

Вид учебной работы	Трудоемкость			
	Всего	По семестрам		
		8 семестр	№ семестра	...
Аудиторные занятия	32	32		
в том числе:	лекции	16	16	
	практические	-	-	
	лабораторные	16	16	
Самостоятельная работа	40	40		
Форма промежуточной аттестации (зачет – 0 час. / экзамен – __ час.)	-	-		
Итого:	72	72		

13.1. Содержание дисциплины

п/п	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела дисциплины
1. Лекции		
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.
2. Практические занятия		
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.
3. Лабораторные работы		
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	4		4	5	13
2	Базы данных и основные методы биоинформатики	4		4	5	13
3	Алгоритмы поиска точки начала репликации генома	3		3	10	16
4	Выравнивание и определение сходства биологических последовательностей	3		3	10	16
5	Биоинформатика и компьютерное конструирование лекарств	2		2	10	14
	Итого:	16		16	40	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	http://www.vsu.ru
8	https://lanbook.lib.vsu.ru
9	http://www.znanium.com
10	http://www.book.ru/

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	http://www.vsu.ru
8	https://lanbook.lib.vsu.ru
9	http://www.znanium.com
10	http://www.book.ru/

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
Промежуточная аттестация			КИМ

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 зачете используется шкала: «зачтено», «незачтено».

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>Базовый уровень</i>	<i>Зачтено</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>Незачтено</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 зачету:

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.