

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Ястребов Олег Александрович

Должность: Ректор

Дата подписания: 14.05.2026 12:41:59

Уникальный программный ключ:

sa953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования

«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»

Аграрно-технологический институт

(наименование основного учебного подразделения (ОУП)-разработчика ОП ВО)

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

ПРОГРАММИРОВАНИЕ

(наименование дисциплины/модуля)

Рекомендована МССН для направления подготовки/специальности:

06.05.01 БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

(код и наименование направления подготовки/специальности)

Освоение дисциплины ведется в рамках реализации основной профессиональной образовательной программы высшего образования (ОП ВО):

БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

2026 г.

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Программирование» входит в программу специалитета «Биоинженерия и биоинформатика» по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» и изучается в 3, 4, 5, 6 семестрах 2, 3 курсов. Дисциплину реализует Кафедра математического моделирования и искусственного интеллекта. Дисциплина состоит из 11 разделов и 45 тем и направлена на изучение основных принципов программирования на языках высокого уровня.

Целью освоения дисциплины является знакомство слушателей с современными методами описания алгоритмов на языках высокого уровня. Использование приложений по многопоточности, графического интерфейса, а также обработке изображений в области биоинженерии и биоинформатики.

2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Программирование» направлено на формирование у обучающихся следующих компетенций (части компетенций):

Таблица 2.1. Перечень компетенций, формируемых у обучающихся при освоении дисциплины (результаты освоения дисциплины)

Шифр	Компетенция	Индикаторы достижения компетенции (в рамках данной дисциплины)
ОПК-3	Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований;	ОПК-3.3 Владеет статистическими и биоинформационными методами обработки результатов биологических исследований;
ОПК-6	Способен разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения;	ОПК-6.1 Знает языки программирования и методики создания специализированных компьютерных программ в области биоинженерии и биоинженерии;
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;	ОПК-7.1 Знать принципы работы современных информационных технологий и программных средств, используемых при решении задач биоинформатики и биоинженерии;

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Программирование» относится к обязательной части блока 1 «Дисциплины (модули)» образовательной программы высшего образования.

В рамках образовательной программы высшего образования обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Программирование».

Таблица 3.1. Перечень компонентов ОП ВО, способствующих достижению запланированных результатов освоения дисциплины

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
ОПК-6	Способен разрабатывать алгоритмы и компьютерные программы, пригодные для практического применения;		Алгоритмы в биоинформатике; Компьютерные технологии в научных исследованиях;
ОПК-3	Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований;		Биоинформатика и системная биология;
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;		Алгоритмы в биоинформатике; Проектно-технологическая практика;

* - заполняется в соответствии с матрицей компетенций и СУП ОП ВО

** - элективные дисциплины /практики

4. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ

Общая трудоемкость дисциплины «Программирование» составляет «10» зачетных единиц.

Таблица 4.1. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для очной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)			
			3	4	5	6
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	175		36	34	51	54
Лекции (ЛК)	0		0	0	0	0
Лабораторные работы (ЛР)	0		0	0	0	0
Практические/семинарские занятия (СЗ)	175		36	34	51	54
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	122		27	20	75	0
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	63		9	18	18	18
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	360	72	72	144	72
	зач.ед.	10	2	2	4	2

5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 5.1. Содержание дисциплины (модуля) по видам учебной работы

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
Раздел 1	Знакомство с Python	1.1	Переменные. Ввод значения в программу. Функция eval().	Переменные. Ввод значения в программу. Функция eval(). Типы данных в контексте биологических объектов: строки для нуклеотидных последовательностей (ДНК/РНК), числа для физико-химических констант (связь с дисциплинами «Физика», «Общая и неорганическая химия», 1–2 сем.)	СЗ
		1.2	Знакомство со списками	Знакомство со списками. Хранение наборов биологических данных: списки образцов, результаты измерений, перечни генетических маркеров. Первичная обработка данных лабораторных работ по микробиологии (3 сем.)	СЗ
		1.3	Условный оператор и оператор цикла	Условный оператор и оператор цикла. Логика ветвления при первичной фильтрации экспериментальных данных. Перебор записей в простых текстовых файлах с данными измерений	СЗ
		1.4	Знакомство с функциями.	Знакомство с функциями. Понятие переиспользуемого кода. Написание первых вспомогательных функций для автоматизации рутинных расчётов в ходе лабораторных работ по химии и физике	СЗ
Раздел 2	Основные операции Python	2.1	Оператор цикла while	Оператор цикла while. Итерационные алгоритмы: сходимость численных методов, применяемых в расчётах физических и химических величин	СЗ
		2.2	Оператор цикла for	Оператор цикла for. Перебор нуклеотидных последовательностей. Массовая обработка однотипных записей (серия образцов микроорганизмов — связь с «Микробиологией и генетикой микроорганизмов», 3 сем.)	СЗ
		2.3	Условный оператор if.	Условный оператор if. Классификация биологических объектов по заданным критериям: определение класса организма, проверка структурных формул органических соединений (связь с «Органической химией», 3 сем.)	СЗ
		2.4	Тернарный оператор.	Тернарный оператор. Компактная запись условий при разборе аннотаций и коротких числовых меток в таблицах данных	СЗ
		2.5	Обработка исключительных ситуаций	Обработка исключительных ситуаций. Устойчивость программ при чтении некорректных данных: пустые поля в таблицах измерений, нестандартные символы в последовательностях	СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
Раздел 3	Списки и кортежи в Python	3.1	Знакомство с кортежами.	Знакомство с кортежами. Основные операции со списками и кортежами. Неизменяемое представление координат генов, хромосомных позиций, хроматографических пиков (связь с «Аналитической химией», 3 сем.)	СЗ
		3.2	Создание выборки на основе списков и кортежей.	Создание выборки на основе списков и кортежей. Отбор образцов по пороговым значениям концентраций (аналитическая химия) или по качеству ридов (первичный контроль качества NGS-данных)	СЗ
		3.3	Вложенные списки и кортежи.	Вложенные списки и кортежи. Матричное представление данных: таблицы ОП/ОД-значений, результаты многоточечных измерений в микробиологических экспериментах	СЗ
		3.4	Копирование списков и кортежей.	Копирование списков и кортежей. Предотвращение ошибок при модификации исходных экспериментальных данных (принцип сохранения «сырых» данных)	СЗ
		3.5	Функции и методы для работы со списками	Функции и методы для работы со списками. Сортировка и поиск: ранжирование результатов ферментативных реакций, упорядочивание спектральных пиков (физическая и коллоидная химия, 2 сем.)	СЗ
Раздел 4	Множества и словари	4.1	Множества. Операции с множествами	Множества. Операции с множествами. Нахождение пересечений и различий: общие гены у нескольких штаммов микроорганизмов, общие метаболиты в биохимических путях (связь с «Микробиологией», 3 сем.)	СЗ
		4.2	Операции на множествах	Операции на множествах. Анализ уникальных структурных фрагментов органических молекул; уникальные виды в сравниваемых биологических выборках	СЗ
		4.3	Знакомство со словарями	Знакомство со словарями. Кодон–аминокислотные таблицы трансляции; словари физико-химических констант (молярные массы, рКа, logP) для расчётов по органической и аналитической химии	СЗ
		4.4	Операции со словарями	Операции со словарями. Хранение метаданных биологических образцов: условия культивирования, источник выделения штамма, результаты идентификации микроорганизмов (3 сем.)	СЗ
Раздел 5	Работа со строками	5.1	Текстовые литералы.	Текстовые литералы. Строковое представление нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Однобуквенные и трёхбуквенные коды аминокислот, IUPAC-обозначения нуклеотидов	СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
		5.2	Основные операции с текстом.	Основные операции с текстом. Поиск подстрок: сайты рестрикции, сигнальные пептиды, консенсусные мотивы в промоторных областях. Подсчёт встречаемости оснований (GC-состав)	СЗ
		5.3	Методы для работы с текстом	Методы для работы с текстом. Парсинг форматов FASTA и простых табличных файлов (TSV/CSV). Примечание: углублённая работа с форматами FASTQ, VCF, GFF, GenBank, выходными файлами BLAST предусмотрена в дисциплине «Практическая биоинформатика» (9–10 сем.) и «ПО для биоинформатики»	СЗ
Раздел 6	Функции	6.1	Объявление и вызов функции	Объявление и вызов функции. Механизм передачи аргументов. Создание функций для типовых расчётов: GC-состав последовательности, расчёт молярной концентрации, перевод единиц измерения физических величин (1 сем.)	СЗ
		6.2	Именованные аргументы функции	Именованные аргументы функции. Гибкие интерфейсы вычислительных функций: варьируемые параметры при расчёте рН-титрования, подбор порогового значения при фильтрации данных	СЗ
		6.3	Функции с произвольным количеством аргументов	Функции с произвольным количеством аргументов. Универсальные агрегирующие функции для наборов измерений произвольного размера (серии экспериментов с разным числом точек)	СЗ
		6.4	Локальные и глобальные переменные	Локальные и глобальные переменные. Вложенные функции. Лямбда-функции. Встроенные однострочные преобразования данных; применение при сортировке и фильтрации таблиц. Примечание: статистические функции (mean, sd, t-test) изучаются в «Теории вероятностей и матстатистике» (2 сем.) и «Языке R» (11 сем.) — здесь реализуются «вручную» для понимания алгоритма	СЗ
		6.5	Функция как аргумент и результат. Рекурсия.	Функция как аргумент и результат. Рекурсия. Декораторы функций. Рекурсивные алгоритмы: обход дерева таксономии, вычисление факториала при расчёте числа перестановок (комбинаторика в генетике)	СЗ
Раздел 7	Файлы и данные	7.1	Числовые данные. Логические значения.	Числовые данные. Логические значения. Типы данных при работе с экспериментальными результатами: числа с плавающей точкой (значения оптической плотности,	СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				концентраций, активностей ферментов), целые числа (счётчики колоний, число ридов)	
		7.2	Дата и время.	Дата и время. Работа с временными метками в журналах лабораторных экспериментов: хронология культивирования, время проведения анализа (аналитическая химия, 3 сем.)	СЗ
		7.3	Работа с файлами	Работа с файлами. Чтение и запись: текстовых файлов с данными измерений, CSV-таблиц (результаты спектрофотометрии, хроматографии), простых FASTA-файлов с несколькими записями. Примечание: автоматизированная работа с базами данных NCBI, UniProt, Ensembl и специализированными форматами рассматривается в «Практической биоинформатике» (9–10 сем.) и «ПО для биоинформатики»	СЗ
Раздел 8	Классы и объекты	8.1	Концепция классов и объектов	Концепция классов и объектов. Описание классов и создание объектов. Моделирование биологических сущностей: класс Organism (таксономические характеристики, источник выделения) — связь с «Микробиологией» (3 сем.)	СЗ
		8.2	Конструкторы и деструкторы.	Конструкторы и деструкторы. Объект реализации класса. Создание объектов с параметрами эксперимента: условия культивирования, состав среды, физико-химические характеристики среды (рН, температура)	СЗ
		8.3	Операции с атрибутами классов и объектов	Операции с атрибутами классов и объектов. Копирование объектов. Атрибуты класса Sequence: нуклеотидный состав, длина, рамка считывания. Независимое хранение исходной и обработанной последовательности	СЗ
		8.4	Документирование и декораторы	Документирование и декораторы. Использование классов и объектов. Стандарты документирования научного ПО (docstring, типизация аргументов). Примечание: использование готовых классов библиотеки BioPython — тема «ПО для биоинформатики»; здесь строим собственные классы для понимания принципов	СЗ
Раздел 9	Наследование и специальные методы	9.1	Знакомство с наследованием.	Знакомство с наследованием. Множественное наследование. Иерархия биологических последовательностей: базовый класс NucleicAcid → подклассы DNA и RNA → Protein. Связь с понятиями транскрипции и трансляции из «Микробиологии и генетики микроорганизмов» (3 сем.)	СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
		9.2	Переопределение методов при наследовании	Переопределение методов при наследовании. Приведение типов. Специфика методов для разных типов последовательностей: complement() только для ДНК, back_transcribe() для РНК; явное преобразование DNA → RNA → Protein	СЗ
		9.3	Перегрузка операторов	Перегрузка операторов. Доступ к атрибутам. Операторы сравнения последовательностей (==, <), конкатенация (+); применение при попарном сравнении штаммов микроорганизмов	СЗ
		9.4	Индексирование объектов	Индексирование объектов. Вызов объекта. Доступ к позициям геномной последовательности по индексу и срезам; выделение кодирующих областей по координатам аннотации	СЗ
Раздел 10	Обработка исключений и потоки	10.1	Принципы обработки исключений.	Принципы обработки исключений. Обработка исключений разных типов. Типичные ошибки при работе с биологическими данными: некорректный символ в последовательности, отрицательное значение концентрации, несовпадение числа колонок в таблице	СЗ
		10.2	Использование объекта исключения	Использование объекта исключения. Вложенные блоки для обработки исключений. Многоуровневая проверка входных данных: валидация формата файла → проверка содержимого → проверка числовых диапазонов	СЗ
		10.3	Искусственное генерирование исключений	Искусственное генерирование исключений. Создание классов исключений. Пользовательские исключения для контроля качества: InvalidSequenceError, NegativeConcentrationError — использование в собственных классах из разделов 8–9	СЗ
		10.4	Использование исключений.	Использование исключений. Знакомство с потоками. Параллельная обработка нескольких файлов с экспериментальными данными; основы многопоточности. Примечание: запуск внешних биоинформатических инструментов из Python-скрипта (subprocess) рассматривается в «Практической биоинформатике» (9–10 сем.)	СЗ
Раздел 11	Программы с графическим интерфейсом	11.1	Создание окна.	Создание окна. Окно с меткой и кнопкой. Использование текстового поля. Разработка простого интерфейса: загрузка FASTA-файла, ввод параметров расчёта GC-состава или молекулярной массы	СЗ
		11.2	Опции, переключатели и другие	Опции, переключатели и другие компоненты. Визуальные	СЗ

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
			компоненты	формы с выбором режима анализа: тип последовательности (ДНК/РНК/белок), тип выходного результата, фильтры по длине или составу	
		11.3	Использование меню.	Использование меню. Разработка навигации между функциями приложения: открытие файла, запуск расчёта, сохранение результата. Проектирование структуры меню для учебного биоинформатического инструмента	СЗ
		11.4	Работа с графикой	Работа с графикой. Базовая визуализация средствами tkinter (canvas): отрисовка простых диаграмм состава нуклеотидов, схема структуры гена. Примечание: профессиональная визуализация биологических данных (ggplot2, heatmap, PCA-plot) является предметом дисциплины «Язык R и его применение в биоинформатике» (11 сем.) — здесь закладываются лишь базовые принципы графического вывода	СЗ

* - заполняется только по **ОЧНОЙ** форме обучения: ЛК – лекции; ЛР – лабораторные работы; СЗ – практические/семинарские занятия.

6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 6.1. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Тип аудитории	Оснащение аудитории	Специализированное учебное/лабораторное оборудование, ПО и материалы для освоения дисциплины (при необходимости)
Семинарская	Аудитория для проведения занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная комплектом специализированной мебели и техническими средствами мультимедиа презентаций.	ОС Linux, офисный пакет LibreOffice, ПО для просмотра pdf, NetBeans IDE - свободная интегрированная среда разработки приложений (IDE) на языках программирования Java, Python, PHP, JavaScript, C, C++
Для самостоятельной работы	Аудитория для самостоятельной работы обучающихся (может использоваться для проведения семинарских занятий и консультаций), оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютерами с доступом в ЭИОС.	ОС Linux, офисный пакет LibreOffice, ПО для просмотра pdf, NetBeans IDE - свободная интегрированная среда разработки приложений (IDE) на языках программирования Java, Python, PHP, JavaScript, C, C++

* - аудитория для самостоятельной работы обучающихся указывается **ОБЯЗАТЕЛЬНО!**

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература:

1. Федоров, Д. Ю. Программирование на языке высокого уровня Python : учебное пособие для вузов / Д. Ю. Федоров. – 3-е изд., перераб. и доп. – Москва : Издательство Юрайт, 2022. – 210 с. – (Высшее образование). – ISBN 978-5- 534-14638-7. – Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. – URL: <https://urait.ru/bcode/492920> (дата обращения: 25.03.2026).

2. Чернышев, С. А. Основы программирования на Python : учебное пособие для вузов / С. А. Чернышев. – Москва : Издательство Юрайт, 2022. – 286 с. – (Высшее образование). – ISBN 978-5-534-14350-8. – Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт[сайт]. – URL: <https://urait.ru/bcode/496893> (дата обращения: 20.03.2026)

3. Гниденко, И. Г. Технологии и методы программирования : учебное пособие для вузов / И. Г. Гниденко, Ф. Ф. Павлов, Д. Ю. Федоров. – Москва : Издательство Юрайт, 2022. – 235 с. – (Высшее образование). – ISBN 978-5-534-02816-4. – Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. – URL: <https://urait.ru/bcode/489920> (дата обращения: 20.03.2026).

4. Черпаков, И. В. Основы программирования: учебник и практикум для вузов / И.

В. Черпаков. –Москва : Издательство Юрайт, 2022. –219 с. – (Высшее образование). – ISBN 978-5-9916-9983-9. – Текст : электронный //Образовательная платформа Юрайт [сайт]. – URL: <https://urait.ru/bcode/489747> (дата обращения: 20.03.2026)

Дополнительная литература:

1. А. Ахо, Дж. Хопкрофт, Дж. Ульман. Структуры данных и алгоритмы. –М.: Вильямс, 2003, -382с.

2. Дж. Макконелл. Анализ алгоритмов. Вводный курс. –М.: Техносфера, 2004 г. – 368 с. Jesin A. Packet Tracer Network Simulator. – Packt Publishing, 2014. –134 p

3. Гудман С., Хидетниemi С. Введение в разработку и анализ алгоритмов. -М.: Мир, 1981г. -366 с.

Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

1. ЭБС РУДН и сторонние ЭБС, к которым студенты университета имеют доступ на основании заключенных договоров

- Электронно-библиотечная система РУДН – ЭБС РУДН

<https://mega.rudn.ru/MegaPro/Web>

- ЭБС «Университетская библиотека онлайн» <http://www.biblioclub.ru>

- ЭБС «Юрайт» <http://www.biblio-online.ru>

- ЭБС «Консультант студента» www.studentlibrary.ru

- ЭБС «Знаниум» <https://znanium.ru/>

2. Базы данных и поисковые системы

- Sage <https://journals.sagepub.com/>

- Springer Nature Link <https://link.springer.com/>

- Wiley Journal Database <https://onlinelibrary.wiley.com/>

- Научометрическая база данных Lens.org <https://www.lens.org>

Учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся при освоении дисциплины/модуля:*

1. Курс лекций по дисциплине «Программирование».

* - все учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся размещаются в соответствии с действующим порядком на странице дисциплины **в ТУИС!**

РАЗРАБОТЧИК:

Доцент кафедры
математического
моделирования и
искусственного интеллекта

Должность, БУП

Подпись

Салпагаров Солтан
Исмаилович

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:

Заведующий кафедрой

Должность БУП

Подпись

Малых Михаил
Дмитриевич

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Директор

Должность, БУП

Подпись

Пакина Елена
Николаевна

Фамилия И.О.