

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Ястребов Олег Александрович

Должность: Ректор

Дата подписания: 14.05.2026 12:41:57

Уникальный программный ключ:

ca953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

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

АЛГОРИТМЫ В БИОИНФОРМАТИКЕ

(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 «Алгоритмы в биоинформатике» входит в программу специалитета «Биоинженерия и биоинформатика» по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» и изучается в 7 семестре 4 курса. Дисциплину реализует Агробиотехнологический департамент. Дисциплина состоит из 5 разделов и 12 тем и направлена на изучение методов построения алгоритмов для анализа биологических данных

Целью освоения дисциплины является формирование базовых знаний об основных алгоритмических принципах, применяемых в биоинформатике, а также о наиболее популярных алгоритмах, решающих конкретные биологические задачи

2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Алгоритмы в биоинформатике» 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-4	Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования;	ОПК-4.3 Умеет применять методы биоинформатики для описания свойств биологических объектов по их геномным, транскриптомным, протеомным и метаболомным данным;
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-7.2 Уметь выбирать современные информационные технологии и программы средства при решении задач биоинформатики и биоинженерии;

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Алгоритмы в биоинформатике» 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 «Алгоритмы в биоинформатике».

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;	Программирование;	Компьютерные технологии в научных исследованиях;
ОПК-4	Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования;	Иммунитет растений; Молекулярная биология; Геномика и транскриптомика; Протеомика и метаболомика;	Сельскохозяйственная биотехнология;
ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности;	Программирование; Введение в биоинформатику;	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 «Алгоритмы в биоинформатике» составляет «4» зачетные единицы.

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)
			7
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	54		54
Лекции (ЛК)	0		0
Лабораторные работы (ЛР)	54		54
Практические/семинарские занятия (СЗ)	0		0
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	81		81
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	9		9
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	144	144
	зач.ед.	4	4

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	Введение	1.1	Введение в алгоритмы.	В разделе рассматриваются базовые понятия теории алгоритмов и их роль в анализе биологических данных.	ЛР
		1.2	Введение в молекулярную биологию. Задача поиск мотива. Перестройка генома.	В разделе рассматриваются фундаментальные концепции молекулярной биологии, необходимые для понимания алгоритмических подходов в биоинформатике, включая структуру и функции нуклеиновых кислот, постановку задачи поиска мотивов, а также механизмы и последствия перестройки генома как объекты алгоритмического анализа.	ЛР
Раздел 2	Геномные перестройки, алгоритмы кластеризации	2.1	Алгоритмы построения графа перестроек и нахождения эволюционного расстояния между геномами по графу.	В разделе рассматриваются методы построения графа перестроек (включая граф разрывов и граф смежности) на основе сравнительного анализа геномов, а также алгоритмы вычисления эволюционного расстояния между геномами (в частности, расстояния по перестановкам, расстояния по слияниям, разрывам и транспозициям) с использованием свойств построенного графа и оптимизационных подходов, таких как поиск максимального паросочетания и оценка минимального числа перестроек, необходимого для трансформации одного генома в другой.	ЛР
		2.2	Основные методы кластеризации.	В разделе рассматриваются основные методы кластеризации: иерархическая, k-средних, EM-алгоритм и карты Кохонена, а также критерии оценки качества разбиения и выбор метрики расстояния в зависимости от природы анализируемых биоинформатических данных.	ЛР
		2.3	Скрытые марковские модели в выравнивании последовательностей.	В разделе рассматриваются скрытые марковские модели как вероятностный инструмент анализа последовательностей, включая алгоритмы Витерби, прямого-обратного хода и Баума — Велша, а также применение профильных СММ для множественного выравнивания, поиска гомологов и идентификации доменов.	ЛР
Раздел 3	Расстояние между последовательностями	3.1	Алгоритмы выравнивания последовательностей	В разделе рассматриваются алгоритмы выравнивания биологических последовательностей, включая глобальное выравнивание (алгоритм Нидмана — Вунша), локальное выравнивание (алгоритм Смита — Уотермана), а также	ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				эвристические методы (BLAST, FASTA) и их применение для поиска гомологичных последовательностей.	
		3.2	Построение оптимального перекрывающегося выравнивания, построение химерных алгоритмов.	В разделе рассматриваются методы построения оптимального перекрывающегося выравнивания (overlap alignment) для анализа перекрывающихся фрагментов последовательностей, а также принципы конструирования химерных алгоритмов, объединяющих подходы глобального, локального и перекрывающегося выравнивания для решения комплексных задач сборки геномов и анализа химерных последовательностей.	ЛР
Раздел 4	Секвенирование и распознавание белков, поиск мотивов	4.1	Спектральное выравнивание.	В разделе рассматривается спектральное выравнивание: представление последовательностей через набор олигомеров, построение спектра и его применение для поиска консервативных участков при наличии мутаций.	ЛР
		4.2	Семплирование по Гиббсу и случайные выборки при поиске мотивов.	В разделе рассматриваются методы семплирования по Гиббсу и случайных выборок для поиска мотивов: итеративная оценка параметров модели, чередование этапов предсказания и обновления весов, а также вероятностный характер отбора позиций сайтов.	ЛР
		4.3	Проблема асимметричности при секвенировании белков de novo, поиск мотивов с использованием семплирования по Гиббсу.	В разделе рассматривается проблема асимметричности при de novo секвенировании белков (неравномерное распределение аминокислотных остатков, ошибки интерпретации масс-спектров), а также применение семплирования по Гиббсу для поиска мотивов в условиях асимметрии данных.¶¶	ЛР
Раздел 5	Эффективный поиск множеств фрагментов ДНК в геноме	5.1	Приложения для суффиксных деревьев и массивов в биоинформатике	В разделе рассматриваются суффиксные деревья и массивы как эффективные структуры данных для поиска подстрок, выявления повторяющихся фрагментов, поиска максимальных уникальных последовательностей, сборки геномов, поиска общих подстрок и идентификации tandemных повторов в биологических последовательностях.¶¶	ЛР
		5.2	Проблема изменения экзонов, нахождение повторов максимальной длины	В разделе рассматривается проблема альтернативного сплайсинга (изменение экзонного состава) и методы поиска повторов максимальной длины в последовательностях, включая применение суффиксных деревьев, динамического программирования и алгоритмов выявления tandemных и диспергированных повторов.	ЛР

* - 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)
Компьютерный класс	Компьютерный класс для проведения занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная персональными компьютерами (в количестве 20 шт.), доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Компьютерный класс для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).
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.	Компьютерный класс для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства (10 рабочих мест): Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365,

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

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература:

1. Компо, Ф. Алгоритмы биоинформатики / Ф. Компо, П. Певзнер ; перевод с английского И. Л. Люско.. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 682 с. — ISBN 978-5-93700-175-7. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/314972>

2. Часовских Н.Ю. Биоинформатика : учебник / Н. Ю. Часовских. - Электронные текстовые данные. - Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. : ил. URL: https://lib.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link_FindDoc&id=497943&idb=0

Дополнительная литература:

1. Володченкова, Л. А. Биоинформатика : учебное пособие : [16+] / Л. А. Володченкова ; Омский государственный университет им. Ф. М. Достоевского. – Омск : Омский государственный университет им. Ф.М. Достоевского (ОмГУ), 2018. – 44 с. : ил. – Режим доступа: по подписке. – URL: <https://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=563147>

2. NGS: высокопроизводительное секвенирование / Д. В. Ребриков, Д. О. Коростин, Е. С. Шубина, В. В. Ильинский ; под общей редакцией Д. В. Ребрикова. — 3-е изд. — Москва : Лаборатория знаний, 2020. — 235 с. — ISBN 978-5-00101-654-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/151534>

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 «Алгоритмы в биоинформатике».

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

РАЗРАБОТЧИК:

Старший преподаватель
Агробиотехнологического
департамента

Должность, БУП

Подпись

Кезимана Парфэ

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:

Директор
Агробиотехнологического
департамента

Должность БУП

Подпись

Пакина Елена Николаевна

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Директор Аграрно-
технологического института

Должность, БУП

Подпись

Довлетярова Эльвира
Анварбековна

Фамилия И.О.