***Приложение 9***

**Аннотация к рабочей программе учебной дисциплины**

**"Биоинформатика"**

**Направление подготовки:** 01.03.02 – Прикладная математика и информатика.

**Профиль подготовки:** Системное программирование и компьютерные технологии.

**1. Компетенции, формируемые в результате освоения дисциплины:**

ОПК-1 способность использовать базовые знания естественных наук, математики и информатики, основные факты, концепции, принципы теорий, связанных с прикладной математикой и информатикой;

ОПК-2 способность приобретать новые научные и профессиональные знания, используя современные образовательные и информационные технологии;

ОПК-3 способность к разработке алгоритмических и программных решений в области системного и прикладного программирования, математических, информационных и имитационных моделей, созданию информационных ресурсов глобальных сетей, образовательного контента, прикладных баз данных, тестов и средств тестирования систем и средств на соответствие стандартам и исходным требованиям.

ОПК-4 способность решать стандартные задачи профессиональной деятельности на основе информационной и библиографической культуры с применением информационно-коммуникационных технологий и с учетом основных требований информационной безопасности.

ПК-1 способность собирать, обрабатывать и интерпретировать данные современных научных исследований, необходимые для формирования выводов по соответствующим научным исследованиям;

ПК-2 способность понимать, совершенствовать и применять современный математический аппарат;

ПК-3 способность критически переосмысливать накопленный опыт, изменять при необходимости вид и характер своей профессиональной деятельности.

ПК-10 способность к реализации решений, направленных на поддержку социально-значимых проектов, на повышение информационной грамотности населения, обеспечения общедоступности информационных услуг.

ПК-13 способность применять существующие и разрабатывать новые методы и средства обучения.

**2. Содержание дисциплины:**

|  |  |
| --- | --- |
| №п/п | Разделы учебной дисциплины |
| 1 | Глобальное выравнивание двух последовательностей. Вес выравнивания. Алгоритм выравнивания Нидлмана – Вунша. |
| 2 | Локальное выравнивание двух последовательностей. Алгоритм Смита – Уотермана. Поиск ортологов, пакет программ BLAST. Матрицы замен аминокислот, серии матриц BLOSUM и PAM. |
| 3 | Выравнивание с учётом кратных делеций. Алгоритм выравнивания при аффинном штрафе за делеции. |
| 4 | Множественное выравнивание генетических последовательностей. Оценка качества выравнивания. Алгоритм прогрессивного выравнивания. Программы ClustalW и Muscle. |
| 5 | Поиск фиксированного множества образцов в геномах с построением дерева образцов. Алгоритм Ахо-Корасика. |
| 6 | Поиск образцов в фиксированном геноме с построением его суффиксного дерева. Поиск максимальных повторов и минимальных уникальных фрагментов в геноме. |
| 7 | Поиск общего фрагмента максимальной длины в заданном множестве генетических последовательностей. Поиск консервативных участков в наборе последовательностей ДНК. |
| 8 | Суффиксные массивы, их построение и применение. |
| 9 | Скрытые Марковские модели (HMM). Вероятность порождения скрытой Марковской моделью данной последовательности. Поиск оптимального пути, порождающего данную последовательность. Алгоритм Витерби. |
| 10 | Применение Марковских моделей для поиска в геноме неточных вхождений данного образца. |
| 11 | Применение Марковских моделей для поиска участков генома с известными приближёнными частотами букв. |
| 12 | Вторичная структура РНК, её элементы. Роль вторичных структур РНК в регуляции экспрессии генов. Энергия вторичной структуры. |
| 13 | Построение максимальной по мощности вторичной структуры РНК без псевдоузлов. Алгоритм Нуссинофф. |
| 14 | Построения вторичной структуры РНК с минимальной энергией, Алгоритм Зукера. Программа RNAstructure. |
| 15 | Филогенетические деревья, их виды. Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом взвешенного среднего (UPGMA). |
| 16 | Построение филогенетических деревьев белков по матрице расстояний методом ближайшего соседа (Neighbor Joining). Программы CLUSTAL, PHILIP, MEGA. |
| 17 | Методы построения филогенетических деревьев, основанные на принципах максимальной экономии и максимизации вероятности эволюционного сценария. Программы PhyloBayes, MrBayes, PHYML. |
| 18 | Вычисление длин ветвей филогенетического дерева. Принципы максимальной экономии и минимизации невязки. |
| 19 | Задача реконструкции во внутренних вершинах эволюционного дерева объектов или величин, заданных в листьях. Принцип максимальной экономии. |
| 20 | Быстрые алгоритмы реконструкции простейших объектов и величин (символов, длин генов и др.). |
| 21 | Задача согласования дерева генов с деревом видов. Вложение дерева генов в дерево видов. Определение цены вложения. Построение вложения без горизонтальных переносов генов. |
| 22 | Построение оптимального вложения дерева генов в дерево видов с учётом горизонтальных переносов генов. |
| 23 | Оптимальная бинаризация небинарного дерева генов относительно данного дерева видов. |
| 24 | Задача согласования набора деревьев генов в единое дерево видов. |
| 25 | Выравнивание филогенетических деревьев методом динамического программирования. |
| 26 | Формальная модель блоков синтении генов. Применение PQ-деревьев для представления множества блоков синтении. |
| 27 | Хромосомные структуры, типы их перестроек. Задача сортировки участка хромосомы инверсиями. Схема алгоритма её решения. |
| 28 | DCJ-операции. Построение кратчайшей последовательности DCJ-операций, преобразующих одну данную хромосомную структуру в другую. |
| 29 | Задача секвенирования ДНК и сборки фрагментов. Обработка данных секвенирования. Анализ качества и очистка чтений. |
| 30 | Алгоритмы сборки геномов из коротких ридов. Ошибки секвенирования и борьба с ними. Граф перекрытий. |
| 31 | Граф де Брюйна и его применение для сборки фрагментов ДНК |
| 32 | Процесс сплайсинга. Альтернативный сплайсинг. Задача поиска оптимальной сплайсоформы. Алгоритм её решения, основанный на выравнивании сплайсоформы с родственной последовательностью. |
| 33 | Задача поиска псевдопериодичностей в последовательности. Алгоритм её решения, основанный на выравнивании этой последовательности с ней самой со сдвигом. |
| 34 | База данных GenBank, её использование для поиска и сравнения нуклеотидных последовательностей. |
| 35 | База данных SwissProt, её использование для поиска и сравнения аминокислотных последовательностей. |
| 36 | База данных Ensembl, её использование для поиска ортологичных и паралогичных генов. |

**3. Форма контроля -** Текущий контроль работы студентов по освоению дисциплины «Биоинформатика» осуществляется в ходе проверки выполнения домашних заданий и контрольных работ, прохождения промежуточных опросов и собеседований. В течение каждого семестра выполняются пять контрольных работ, в конце весеннего семестра – коллоквиум. Итоговый контроль проводится в форме зачёта в осеннем семестре и в форме зачёта с оценкой в весеннем семестре.