

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:



ФИО: Макаров Сергей Сергеевич

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ

Должность: И.о. директора Института садоводства и ландшафтной архитектуры

Дата подписания: 10.04.2023 16:58:19

Уникальный программный ключ:

75bfa38f9af1852ddab82cd3ecd1bfa3eefe320d6

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ –
МСХА имени К.А. ТИМИРЯЗЕВА»
(ФГБОУ ВО РГАУ - МСХА имени К.А. Тимирязева)

Институт садоводства и ландшафтной архитектуры
Кафедра ботаники, селекции и семеноводства садовых растений

УТВЕРЖДАЮ:

И.о. директора института садоводства
и ландшафтной архитектуры

Макаров С.С.

“30” августа 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Б1.В.03.05 Основы биоинформатики в селекции растений

для подготовки бакалавров

ФГОС ВО

Направление 35.03.05 Садоводство

Направленность (программа) «Селекция, генетика и биотехнология садовых культур»

Курс: 4

Семестр: 8

Форма обучения: очная

Год начала подготовки: 2024

Москва, 2024

Разработчики(и): С.Г. Монахос, д.с.-х.н., профессор
Д.Д. Лисовая, ассистент

«28» августа 2024 г.

Рецензент: Монахос Г.Ф., к.с.-х.н., ст.н.с.
(ФИО, ученая степень, ученое звание)

(подпись)

«29» августа 2024 г.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО, по направлению подготовки 35.03.05 Садоводство и учебного плана.

Программа обсуждена на заседании кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, протокол №9,1 от «29» августа 2024 г.

Зав. кафедрой С.Г. Монахос, д.с.-х.н., профессор
(ФИО, ученая степень, ученое звание)
пись)

(под-

«29» августа 2024 г.

Согласовано:

Председатель учебно-методической комиссии института

садоводства и ландшафтной архитектуры

Маланкина Е.Л., д.с.-х.н., профессор

(ФИО, ученая степень, ученое звание)

(подпись)

Протокол №7 от «29» августа

«29» августа 2024 г.

Заведующий выпускающей кафедрой ботаники,

селекции и семеноводства садовых растений

С.Г. Монахос, д.с.-х.н., профессор

(ФИО, ученая степень, ученое звание)

(подпись)

«29» августа 2024 г.

Зав. Отделом комплектования ЦНБ /

(подпись)

СОДЕРЖАНИЕ

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ.....	4
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ.....	4
3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ «ОСНОВЫ БИОИНФОРМАТИКИ В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ», СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАННИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ 5	
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	5
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЁМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ	5
ПО СЕМЕСТРАМ	5
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	5
4.3 ПРАКТИЧЕСКИЕ ЗАНЯТИЯ	9
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	17
6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	18
6.1. ТИПОВЫЕ КОНТРОЛЬНЫЕ ЗАДАНИЯ ИЛИ ИНЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НЕОБХОДИМЫЕ ДЛЯ ОЦЕНКИ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ И НАВЫКОВ И (ИЛИ) ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ....	18
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	23
7.1 ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА	23
7.2 ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА	23
8. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО- ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ).....	23
9. ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ СИСТЕМ	24
10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ	25
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ СТУДЕНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	25
Виды и формы отработки пропущенных занятий	26
12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕНОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	26

АННОТАЦИЯ

рабочей программы учебной дисциплины

Б1.В.03.05 «Основы биоинформатики в селекции растений»
для подготовки бакалавриата по направлению 35.03.05 Садоводство

направленности «Биотехнология и селекция растений»

Цель освоения дисциплины: получение теоретических знаний и практических навыков поиска и обработки систематизированных биологических данных с применением международных баз данных и использованием современных подходов в области структурной и системной биоинформатики. Знакомство с алгоритмами основных биоинформационных подходов и их применением для решения актуальных задач генетики, биотехнологии и селекции.

Место дисциплины в учебном плане: дисциплина включена в часть, формируемую участниками образовательных отношений, учебного плана по направлению подготовки 35.03.05 Садоводство

Требования к результатам освоения дисциплины: в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: 2 профessionальные компетенции ПКос-3, ПКос-4 (ПКос-3.1; ПКос-3.3; ПКос-4.1; ПКос-4.2; ПКос-4.3).

Краткое содержание дисциплины: Основы биоинформатики в селекции растений— это дисциплина, которая объединяет знания из области биологии и информатики для улучшения селекционных программ. Она использует различные методы анализа геномов, а также статистические и математические алгоритмы для идентификации генов, связанных с желаемыми признаками, и понимания механизмов их регуляции. Основы биоинформатики в селекции растений играют важную роль в улучшении качества растительных культур и повышении урожайности.

Общая трудоемкость дисциплины: 108/3 (часть/зач. ед.)

Промежуточный контроль: экзамен

1. Цель освоения дисциплины

Цель данной дисциплины заключается в получении основополагающих знаний о содержании и возможностях биоинформатики. Она поможет в использовании биоинформационных методов для решения основных и прикладных задач, связанных с селекцией, молекулярной генетикой и биотехнологией. Так же, данная дисциплина охватывает задачи, возникающие на стыке биологических наук, математики и информатики, такие как анализ сходства аминокислотных и нуклеотидных последовательностей, компьютерное моделирование и визуализация трёхмерных структур белков, анализ геномных и транскриптомных данных.

2. Место дисциплины в учебном процессе

Дисциплина «Основы биоинформатики в селекции растений» включена в часть профессионального цикла, формируемую участниками образовательных отно-

шений. Реализация в дисциплине «Основы биоинформатики в селекции растений» требований ФГОС ВО, ОПОП и Учебного плана по направлению 35.03.05 Саловодство для подготовки бакалавров направленности «Биотехнология и селекция растений».

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина «Основы биоинформатики в селекции растений», являются «Основы ДНК-технологий в селекции», «Молекулярная биология».

Дисциплина «Основы биоинформатики в селекции растений» является основополагающей для изучения следующих дисциплин: «Современная селекция растений», «Современная селекция животных», «Транскриптомика и протеомика».

Данная дисциплина знакомит студентов с основными методами и подходами биоинформатики, используемыми при работе с различными типами биологических данных. Кроме того, ее особенность заключается в том, что она помогает развивать навыки работы со ключевыми биоинформатическими базами данных белков и нуклеиновых кислот, а также навыки использования современных математических и статистических методов в молекулярно-биологических исследованиях для решения широкого спектра задач. На этом курсе студенты узнают, как искать кодирующие и регуляторные участки в ДНК, определять и исследовать точечные мутации, а также предсказывать структуру и функцию белков. Рабочая программа дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья разрабатывается индивидуально с учетом особенностей психофизического развития, индивидуальных возможностей и состояния здоровья таких обучающихся.

3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине «Основы биоинформатики в селекции растений», соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Изучение данной учебной дисциплины направлено на формирование у обучающихся компетенций, представленных в таблице 1.

4. Структура и содержание дисциплины

4.1 Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Общая трудоёмкость дисциплины составляет 3 зачед. (108 часов), их распределение по видам работ семестрам представлено в таблице 2.

Таблица 1

Требования к результатам освоения учебной дисциплины					
№ п/п	Код компетенции	Содержание (или её части)	Инициаторы компетенций	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:	
				знать	уметь
1.	ПКос-3	Способен самостоятельно в качестве руководителя или члена коллектива организовывать и управлять производственную и научно-исследовательскую деятельность в избранной и смежных предметных областях	ПКос-3.1 проводить производственную и техническую деятельность в областях селекционной и научно-исследовательской деятельности в избранной и смежных предметных областях	основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики, объекты изучения биоинформатики: нуклеиновые кислоты и аминокислот	находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе наблюдений экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных методов их достижения; правилами расчетов оптимальных параметров проведения анализа, спектральными и интерпретации данных биологических объектов, и их корректирования

Личные технологии для решения задач профессиональной деятельности		
ПКос-3.3 современные технологии в области бионикоинформатики и геномики, применяемые при решении теоретических и практических задач в селекции растений и животных	работаю со специализированными серверами и различными базами данных специализированных баз данных и специфику работы с ними	навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования Интернета применительно к биологическим объектам
ПКос-4.1 специфика полевых и лабораторных работ в соответствии с изображенными пакетами прикладных программ в избранный предметной области		методами проведения статистического анализа, компьютерных программных пакетов для решения практических задач биоинформатики

7

8

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 2а

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам	
Вид учебной работы	Трудоёмкость
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	час. 108
1. Контактная работа:	
Аудиторная работа	40,4
в том числе:	
лекции (Л)	38
практические занятия (ПЗ)	14
консультации перед экзаменом	24
контактная работа на промежуточном контроле (КР4)	2
2. Самостоятельная работа (СРС)	67,6
самостоятельноe изучение разделов, самодод- тоска (проработка и повторение лекционного ма- териала и материала учебников и учебных посо- бий, подготовка к лабораторным и практическим занятиям, коллоквиумам и т.д.)	34
<i>Подготовка к экзамену (контролю)</i>	33,6
Вид промежуточного контроля:	Экзамен
Итого по дисциплине	
	108
	14
	24
	2,4
	67,6

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплины (уточнённо)	Всего	Аудиторная работа			Вненаутическая работа
		Л	ПЗ/ПКР	СР	
Раздел 1 Основы биоинформатики в селекции					
Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений					
Определение понятия «Биотехнология и селекция растений». История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль биоинформатики в селекционной работе. Исторический обзор развития биоинформатики в селекции растений. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.					
Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений					
Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом. Различные типы геномов растений. Методы исследования генома растений. Транскрипция. Методы анализа транскриптома. Эпигенетическая регуляция генома растений. Типы эпигенетических механизмов регуляции. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.					
Тема 3. Основные биоинформационные ресурсы и базы данных.					
Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Епитеz, СелевБанк, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основы формирования данных, типы данных для описания объектов, структура записей в файлах, форматы представления данных, особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформационные базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG.					
Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	108	14	24	2,4	34
Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	7	1	2	-	4
Тема 3. Основные биоинформационные ресурсы и базы данных.	8	2	2	-	4
Тема 4. Парное и множественное выравнивание.	10	2	4	-	4

Найменование разделов и тем дисциплины (уточнённо)	Всего	Л	ПЗ/ПКР	Аудиторная работа	Вненаутическая работа
				C	СР
Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	8	2	2	-	4
Тема 6. Тема 6. Филогения	12	2	4	-	6
Тема 7. Анализ протеомных данных	10	2	4	-	4
Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	10	2	4	-	4
Контактная работа на промежуточном контроле (КР4)	2	-	-	2	-
Консультация перед экзаменом	0,4	-	-	0,4	-
Контактная работа на промежуточном контроле (КР4)	0,4	-	-	-	33,6
Подготовка к экзамену	33,6	-	-	-	33,6
Итого по дисциплине	108	14	24	2,4	67,6

Раздел 1 Биоинформатика в селекции

Определение понятия «Биотехнология и селекция растений». История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль биоинформатики в селекционной работе. Исторический обзор развития биоинформатики в селекции растений. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.

Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений

Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом. Различные типы геномов растений. Методы исследования генома растений. Транскрипция. Методы анализа транскриптома. Эпигенетическая регуляция генома растений. Типы эпигенетических механизмов регуляции. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.

Тема 3. Основные биоинформационные ресурсы и базы данных.

Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Епитеz, СелевБанк, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основы формирования данных, типы данных для описания объектов, структура записей в файлах, форматы представления данных, особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформационные базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG.

Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по экспрессии генов: GEO (Gene Expression Omnibus), Array Express и Expression Atlas. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.

Тема 4. Парное и множественное выравнивание.

Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятия гомологии. Ортологи и паралоги. Расчет оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрица замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Нильсмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Утермана). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решения задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Tcoffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регулярные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств PFAM.

Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК

Анализ последовательностей нуклеотидов. Методы секвенирования генома и транскриптома. Современные принципы работы с целым геномом. Инструменты для сборки и работы с геномом. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Предварительная обработка и нормализация данных. Функциональное аннотирование генома и транскриптома. Сравнительный анализ генома и транскриптома. Идентификация организмов и расшифровка генетических маркеров с помощью последовательности ДНК и РНК.

Тема 6. Филогения

Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Изменчивость генетической информации: делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещение мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации. Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Принципы определения филогенетического рода и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев.

Тема 7. Анализ протеомных данных

Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCB1 Structure, NCB1 CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выведения сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы RuMoL. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологичного моделирования в программе Modeller.

Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений.

Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений. Построение генных карт и межвидовых карт. Количественная генетика и селекционные индексы. Моделирование генотипических и фенотипических характеристик.

4.3 Практические занятия

Таблица 4
Содержание практических занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/практических/семинарских занятий	Формы		
			ирием	вид контрольного компонента	количество часов
		Раздел 1. Биоинформатика в селекции	ПКос-3, ПКос-4	ПКос-3, устный опрос	22
				ПКос-4, контрольная работа 1,2	
1	Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	Лекционное занятие №1. Введение в биоинформатику в селекции растений	ПКос-3, ПКос-4	ПКос-3, ПКос-4	1
		Практическое занятие №1. Основные понятия: ДНК, РНК, ген, Геном, транскриптом, протеом. Понятие селекции	ПКос-3, ПКос-4	ПКос-3, устный опрос	1
		Практическое занятие №2. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль биоинформатики в селекционной работе.	ПКос-3, ПКос-4	ПКос-3, устный опрос	1

№ пп	Название раздела, темы	№ и название лекций/ практических/ семинарских занятий		Форма ирем ые комп- етенци	Вид контрольног о мероприятия	Кол- во часов
		№ пп	Название раздела, темы			
1	Лекционное занятие №2. Основы геномики и транскриптомики растений	ПКос- 3, ПКос- 4		1		
2	Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	Практическое занятие №3. Структура и функция ДНК и РНК. Гены и их экспрессия. Геномные и транскриптомные анализы.	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	1	
	Рубежная контрольная рабо- бота по темам 1, 2	ПКос- 3, ПКос- 4	контрольная работа 1	1		
3	Тема 3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Лекционное занятие №3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	ПКос- 3, ПКос- 4	2		
4	Тема 4. Парное и множественное выравнивание	Практическое занятие №4. Базы данных. Классификация баз данных.	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	2	
5	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	Лекционное занятие №4. Парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы	ПКос- 3, ПКос- 4	2		
6	Тема 6. Филогения	Практическое занятие №8. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследований.	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	1	
7	Тема 7. Анализ протеомных данных	Практическое занятие №9. Филогения. База данных NCB1 HomoloGene. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	1	
		Лекционное занятие №7. Анализ протеомных данных				
		Практическое занятие №10. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявление сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST)..				
		Практическое занятие №11. Моделирование трехмерной структуры белка методом				

№ пп	Название раздела, темы	№ и название лекций/ практических/ семинарских занятий		Форма ирем ые комп- етенци	Вид контрольног о мероприятия	Кол- во часов
		№ пп	Название раздела, темы			
1	Лекционное занятие №5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	ПКос- 3, ПКос- 4	2			
2	Практическое занятие №6. Методы секвенирования генома и транскриптома	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	1		
3	Практическое занятие №7. Анализ протеомных данных	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	2		
4	Практическое занятие №8. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявление сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST)..	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	2		
5	Практическое занятие №11. Моделирование трехмерной структуры белка методом	ПКос- 3, ПКос- 4	устный опрос	2		

Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения				
№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия
8	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	Лекционное занятие №8. Методы биоинформатики в селекции растений Практическое занятие №12. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений Практическое занятие №13. Построение генных карт и межвидовых карт.	ПКос-3, ПКос-4 ПКос-3, ПКос-4 ПКос-3, ПКос-4	3, 2 3, 2 3, 2
		Гомологического моделирования в программе Modeler. Лекционное занятие №8. Методы биоинформатики в селекции растений Практическое занятие №12. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений Практическое занятие №13. Построение генных карт и межвидовых карт.	ПКос-3, ПКос-4 ПКос-3, ПКос-4 ПКос-3, ПКос-4	3, Основные биоинформационные ресурсы и базы данных.
				Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, PDB. Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые). Работа с базами данных NCBI (RefSeq, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar). Базы данных UniProt, KEGG, Gene Ontology. PlantGDB. Геномный браузер UCSC. База данных NCBI HomoloGene. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Регулярные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств PfAM.
				Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. FastA, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчет оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритм Ниделмана-Винча, динамическое программирование, алгоритм Смита-Утермана). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественное выравнивания. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решения задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, ProBcons, MUSCLE, Tcoffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регулярные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств PfAM. ПКос-3, ПКос-4
				Анализ последовательностей нуклеотидов. Методы секвенирования генома и транскриптома. Современные принципы работы с целым геномом. Инструменты для сборки и работы с геномом. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Предварительная обработка и нормализация данных. Функциональное аннотирование генома и транскриптома.

Таблица 5

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
Раздел 1. Биоинформатика в селекции		
1.	Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	Определение понятия «Биотехнология и селекция растений». Основные понятия: ДНК, РНК, ген. Геном, транскриптом, протеом. Понятие синтеза. Основные задачи и направления биоинформатики. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль биоинформатики в селекционной работе. Исторический обзор развития биоинформатики в селекции растений. Основные задачи и проблемы в биоинформатике в селекции растений. ПКос-3, ПКос-4
2.	Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом. Различные типы геномов растений. Методы исследования генома растений. Транскрипция. Методы анализа транскриптома. Эпигенетическая регуляция генома растений. Типы эпигенетических механизмов регуляции. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде. ПКос-3, ПКос-4
5.		Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК

№ п/п	Название раз- дела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	
№ п/п	Тема и форма занятия	Наименование используемых активных и интерактивных обра- зовательных технологий (форм обучения)	
1.	Введение	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
2.	Тема 2. Основы гено- мики и транскрипто- мии растений	ПЗ	Круглый стол
3.	Тема 3. Основные био- информатические ре- сурсы и базы данных	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
4.	Тема 4. Парное и множе- ственное выравнивание.	ПЗ	Круглый стол
5.	Тема 5. Анализ последо- вательностей ДНК и РНК	ПЗ	Круглый стол
6.	Тема 6. Фило- гения	ПЗ	Круглый стол
7.	Тема 7. Анализ протеомных данных	ПЗ	Круглый стол
8.	Тема 8. Методы бионформа- тики в селек- ции растений	ПЗ	Круглый стол

**6. Текущий контроль успеваемости и промежуточная аттестация по
итогам освоения дисциплины**

**6.1. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые
для оценки знаний, умений и навыков и (или) опыта деятельности**

**Вопросы для подготовки к контрольным мероприятиям (текущий кон-
троль)**

Устный опрос

- Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
- Организация геномов про- и эукариот.
- Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.
- Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в бионформатике.
- Методы онтологического моделирования.
- Алгоритмы структурной и функциональной аннотаций геномных последовательностей.
- Методы выравнивания последовательностей в банках данных.
- Быстрый поиск последовательностей в банках данных.
- Ассемблирование геномов.

5. Образовательные технологии

Применение активных и интерактивных образовательных технологий

Таблица 6

11. Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков;
12. Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций.

13. Сравнение пространственных структур белков.

14. Предсказание и моделирование пространственных структур белков.
15. PDB. Структура записи PDB.

16. Предсказание параметров спиралей ДНК.

17. Предсказание и представление вторичной структуры РНК. Минимизация энергии вторичной структуры (динамическое программирование).

18. Основы структур баз данных (записи, поля, объекты). Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые).

19. Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB.

20. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т. п. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).

21. Метаболические базы данных. Генетические банки (физические карты). Специализированные банки данных.

22. Фолдинг и его распознавание

23. Семейство программ, служащих для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности.

24. Функциональные особенности основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn), белковые (blastp, cdart, psblast, psi-blast, phi-blast).

25. Алгоритмы поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности.

26. Сравнение метаболических путей различных организмов и их изменения в ходе эволюции.

27. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений.

28. Изменчивость генетической информации: делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации.

29. Гранзиции и трансверсии.

30. Факторы эволюции генетических систем.

- Вариант 2**
7. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом.
 8. Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом.
 9. Методы исследования генома растений.
 10. Эпигенетическая регуляция генома растений.
 11. Типы эпигенетических механизмов регуляции.
 12. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.
 13. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ.
 14. Модель данных NCBI, основа формирования данных.
 15. Форматы представления данных.
 16. Особенности представления данных в базах данных.
 17. Основные биоинформационные базы данных
 18. Геномные браузеры
 19. Базы данных по экспрессии генов.
 20. Выравнивания последовательностей.
 21. Цели и типы выравниваний.

Контрольная работа №2

Вариант 1

Вариант 2

1. Глобальное и локальное выравнивание.
2. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания.
3. Методы секвенирования генома.
4. Методы анализа множественной экспрессии генов.
5. Парное выравнивание.
6. Метод скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.
7. Методы секвенирования транскриптома.
8. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов.

Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (экзамен)

1. Определение понятий ДНК, РНК.
2. Определение понятий ген, геном, транскриптом.
3. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом.
4. Роль биоинформатики в селекционной работе.
5. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.
6. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом.
7. Различные типы геномов растений.
8. Методы исследования генома растений.
9. Транскрипция. Методы анализа транскриптома.
10. Эпигенетическая регуляция генома растений.
11. Типы эпигенетических механизмов регуляции.
12. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.
13. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ.
14. Модель данных NCBI, основа формирования данных.
15. Форматы представления данных.
16. Особенности представления данных в базах данных.
17. Основные биоинформационные базы данных
18. Геномные браузеры
19. Базы данных по экспрессии генов.
20. Выравнивания последовательностей.
21. Цели и типы выравниваний.

Контрольная работа №1

Вариант 1

1. Определение понятия «Биотехнология и селекция растений».
2. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом.
3. Методы анализа транскриптома.
4. Типы эпигенетических механизмов регуляции.

22. Парное выравнивание.
23. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).
24. Принципы выравнивания последовательностей.
25. Понятие гомологии.
26. Ортологи и паралоги.
27. Расчет оценки выравнивания (Score).
28. Сходство последовательностей.
29. Матрицы замен.
30. Глобальное и локальное выравнивание.
31. Оптимизация выравнивания.
32. Методы парного выравнивания.
33. Алгоритмом Нидельмана-Вунша.
34. Динамическое программирование.
35. Алгоритм Смита-Уотермана.
36. PSI-BLAST.
37. Множественные выравнивания.
38. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания.
39. Программы для проведения множественного выравнивания.
40. ClustalW, Praline, Probcns.
41. MUSCLE, T-Coffee.
42. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.
43. Домены и профили.
44. Регуляторные выражения.
45. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE.
46. Базы данных по анализу белковых семейств PFAM.
47. Методы секвенирования ДНК.
48. Методы секвенирования РНК.
49. NGS: технологии секвенирования, виды.
50. Секвенирование 3го поколения.
51. Современные принципы работы с целым геномом.
52. Инструменты для сборки и работы с геномом.
53. Микроочипы.
54. Анализ профилей экспрессии генов.
55. Технология RNASeq.
56. Технология Chip-Seq.
57. Анализ качества результатов секвенирования.
58. Сборка генома.
59. Карттирование генома.
60. Предварительная обработка и нормализация данных.
61. Функциональное аннотирование генома.
62. Функциональное аннотирование транскриптома.
63. Сравнительный анализ генома.
64. Сравнительный анализ транскриптома.
65. Идентификация организмов с помощью последовательности ДНК и РНК.

6.2. Описание показателей и критериев контроля успеваемости, описание шкал оценивания

Балльно-рейтинговая система оценки

Объем рейтинга составляет: за текущий контроль - 30% от нормативного рейтинга дисциплины, за рубежный контроль - 30% от нормативного рейтинга дисциплины и за итоговый контроль - 40% от нормативного рейтинга дисциплины.

Таблица 7

Система рейтинговой оценки					
Оценочные сред- ства	Баллы				
Устный опрос	0	2	4	5	
Контрольная ра- бота	0-4	5-6	7-8	9-10	
Экзамен	0-8	9-13	14-17	18-20	
Оценка	Неул.	Удовл.	Хорошо	Очень хорошо	Очно
Посещение лекций и практических занятий					
Посещаемость	≤85%	86-88%	89-91%	92-100%	
Баллы	0	10	20	30	

66. Расшифровка генетических маркеров.
67. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная).
68. Методы получения трехмерной структуры белка.
69. Структура PDB файла.
70. Базы данных трехмерных структур.
71. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур.
72. NCBI VAST.
73. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот.
74. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.
75. Метод моделирования по гомологиям.
76. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов генетический.
77. Генные карты.
78. Межвидовые карты.
79. Построение генетических карт и межвидовых карт.
80. Количественная генетика и селекционные индексы.

Посещаемость рассчитывается, как отношение числа пропущенных занятий к общему числу занятий.

Максимальное число баллов – 100

Для допуска к сдаче зачета с оценкой по дисциплине необходимо:

- фактический рейтинг семестрового контроля должен составлять более 50% от нормативного рейтинга семестрового контроля для дисциплины (Rфакт.сем > 50%Rнорм семестр), т.е. должен быть достигнут пороговый рейтинг;
- должен быть выполнен объем аудиторных занятий (включая посещение лекций), предусмотренный учебным планом.

Рейтинговый балл, выставляемый студенту Рейтинговый балл (в % от макс. балла за дисциплину)

85,1-100%	Отлично
65,1 – 85 %	Хорошо
60,1 – 65 %	Удовлетворительно
Менее 60 %	Неудовлетворительно

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

1. Смиряев А. В. Основы биоинформатики : учебное пособие для подготовки магистров по напр. "Агрономия": молекулярная генетика; математическое моделирование; информатика / А. В. Смиряев, Л. К. Панкина ; Московская сельскохозяйственная академия им. К. А. Тимирязева. - М. : МСХА, 2008. - 102 с.
2. 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>
3. Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 1 — 2019. — 135 с. — ISBN 978-5-98591-145-9. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/138707>
4. Котиков, П. Е. Анализ данных : учебно-методическое пособие / П. Е. Котиков. — Санкт-Петербург : СПБ ПИМУ, 2019. — 48 с. — ISBN 978-5-907184-46-6. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/174498>
5. Кузьмин, В. И. Методы анализа данных : учебное пособие / В. И. Кузьмин, А. Ф. Гадзюев. — 2-е изд., перераб. и доп. — Москва : РГУ МИРЭА, 2020. —

8. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины (модуля)

1. Protein Data Bank, база данных PDB – <http://www.rcsb.org> (открытый доступ)
2. Европейская молекулярно-биологическая лаборатория – <https://www.embl.org/> (открытый доступ)
3. Бесплатная поисковая система по биомедицинским исследованиям PubMed – <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> (открытый доступ)
4. Сервер Национального центра биотехнологической информации США (NCBI): базы данных GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene и др. - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (открытый доступ)
5. DNA Data Bank of Japan - <https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>
6. SWISS-PROT, UniProt, UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt – <http://beta.uniprot.org> (открытый доступ)
7. База данных UniProt на сервере Европейского института геномики и протеомики (European Bioinformatics Institute, EBI) – <http://www.ebi.ac.uk/uniprot> (открытый доступ)
8. База данных CATH Protein Structure Classification - <http://www.cathdb.info/>
9. База данных VAST - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/VAST/vast.shtml> (открытый доступ)
10. NCBI VAST - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/VAST/vast.shtml> (открытый доступ)
11. Классическая и молекулярная биология – <http://molbiol.ru> (открытый доступ)
12. Объединенный Центр вычислительной биологии и геномики, и протеомики, русскоязычный информационный сайт с веб-адресами и краткой характеристикой молекулярно-биологических баз данных – <http://www.jcbi.ru> (открытый доступ)
13. Практическая молекулярная биология – <http://molbiol.edu.ru> (открытый доступ)
14. База данных геномов растений – <https://www.plantgdb.org/>

15. Сервер Центра моделирования молекул Национального Института Здоровья NIH, США – <http://cmmi.info.nih.gov/modeling> (открытый доступ)

9. Перечень программного обеспечения и информационных справочных систем

Таблица 8

Перечень программного обеспечения				
№ п/п	Наименование раздела учебной дисциплины	Наименование программы	Тип программы	Автор разработки
1	Коммерческие программное обеспечение и информационно справочные системы не используются			

10. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине

Процесс изучения дисциплины обеспечен аудиторией, оборудованной персональными компьютерами, мультимедийными средствами для демонстрации презентаций и доступом к информационно-телекоммуникационной сети «Интернет».

Таблица 9

Сведения об обеспеченности специализированными аудиториями, кафетериями, лабораториями	
Наименование специальных помещений и помещений для самостоятельной работы (№ аудиторного корпуса, № аудитории)	Основанность специальных помещений и помещений для самостоятельной работы**
1	2
Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, Читальные залы Библиотеки	Столы, стулья, учебная литература
Общежитие №5 Комплекса для санаторной подготовки	Столы, стулья

11. Методические рекомендации студентам по освоению дисциплины

Основной объем материала студенту необходимо освоить самостоятельно в соответствии с темами для самостоятельной подготовки из таблицы 5. Студенты должны соблюдать дисциплину, вовремя приходить на занятия, предотвращать проверку домашнюю работу, готовиться к проверочным и контрольным работам, предусмотренным курсом, проявлять активность на занятиях. Важное место в образовательном процессе занимает самостоятельная работа студентов. Для организации самостоятельной работы студентов по курсу используются

современные информационные технологии: размещенные в сетевом доступе комплексы учебных и учебно-методических материалов (программа, список рекомендуемой литературы и информационных ресурсов, задания для самоконтроля), свободный доступ к сети «Интернет» для работы с молекулярными базами данных.

Виды и формы отработки пропущенных занятий

Студент, пропустивший занятия обязан предоставить и защитить реферат по пропущенной теме.

12. Методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине

Педагог, проводящий занятия, должен обладать высокой квалификацией и опытом. Необходимо разбираться в нюансах работы, чтобы при необходимости была возможность исправлять ошибку студента. Для успешного освоения предмета необходимо периодически организовывать обсуждения и дискуссии по темам дисциплины.

Все практические работы носят строго профессиональный характер. Навыки, полученные при выполнении этих работ, пригодятся студенту на всех этапах обучения, при подготовке выпускной работы бакалавра и в профессиональной деятельности.

При преподавании курса необходимо ориентироваться на современные образовательные технологии путем использования группового способа обучения на практических занятиях, разбора конкретных ситуаций и интерактивного обсуждения результатов исследовательских учебных работ. Реализация современного подхода должна обеспечиваться широким использованием активных интерактивных форм проведения занятий, посещение профильных научно-исследовательских учреждений и повысить интерес к изучению дисциплины. Задачей преподавателя является приведение максимального количества позитивных примеров учреждений и специалистов добившихся высоких результатов в своих отраслях биотехнологии, для стимулирования интереса студентов к углубленному изучению данной дисциплины.

Программу разработал (и):

Лисовая Д.Д., ассистент

Монахов С.Г., д.с.-х.н., профессор

РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 35.03.05 Садоводство, направленность «Биотехнология и селекция растений» (квалификация выпускника – бакалавр).

Монахосом Григорием Федоровичем, генеральным директором ООО «Селекционная станция им. Н.Н.Тимофеева», кандидатом сельскохозяйственных наук, старшим научным сотрудником (далее по тексту рецензент), проведена рецензия рабочей программы дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 35.03.05 Садоводство, направленность «Биотехнология и селекция растений» (бакалавриат) разработанной в ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», на кафедре ботаники, селекции и семеноводства садовых растений (*разработчики – Лисовая Дарья Дмитриевна, ассистент, Монахос Сократ Григорьевич, заведующий кафедрой, д. с.-х.н., профессор*).

Рассмотрев представленные на рецензию материалы, рецензент пришел к следующим выводам:

1. Предъявленная рабочая программа дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС ВО по направлению 35.03.05 Садоводство. Программа содержит все основные разделы, соответствует требованиям к нормативно-методическим документам.

2. Представленная в Программе *актуальность* учебной дисциплины в рамках реализации ОПОП ВО не подлежит сомнению – дисциплина относится к части, формируемой участниками образовательных отношений – Б1.

3. Представленные в Программе цели дисциплины соответствуют требованиям ФГОС ВО направления 35.03.05 Садоводство.

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Основы биоинформатики в селекции растений» закреплена **2 компетенции**. Дисциплина «Основы биоинформатики в селекции растений» и представленная Программа способна реализовать их в заявленных требованиях.

Результаты обучения, представленные в Программе в категориях знать, уметь, владеть соответствуют специфике и содержанию дисциплины и демонстрируют возможность получения заявленных результатов.

5. Общая трудоёмкость дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» составляет **3 зачётных единицы (108 часов)**.

6. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Дисциплина «Основы биоинформатики в селекции растений» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 35.03.05 Садоводство и возможность дублирования в содержании отсутствует.

7. Представленная Программа предполагает использование современных образовательных технологий, используемые при реализации различных видов учебной работы. Формы образовательных технологий соответствуют специфике дисциплины.

8. Программа дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» предполагает **18 часов** занятий в интерактивной форме.

9. Виды, содержание и трудоёмкость самостоятельной работы студентов, представленные в Программе, соответствуют требованиям к подготовке выпускников, содержащимся во ФГОС ВО направления 35.03.05 Садоводство.

10. Представленные и описанные в Программе формы *текущей* оценки знаний (опрос, как в форме обсуждения отдельных вопросов, так и выступления и участие в дискуссиях, диспутах и аудиторных заданиях), соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

Форма промежуточного контроля знаний студентов, предусмотренная Программой, осуществляется в форме **экзамена**, что соответствует статусу дисциплины, как дисциплины учебного цикла – Б1 ФГОС ВО направления 35.03.05 Садоводство.

11. Формы оценки знаний, представленные в Программе, соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

12. Учебно-методическое обеспечение дисциплины представлено: основной литературой – **2 источника** (базовый учебник), дополнительной литературой – **4 наименования**, Интернет-ресурсы – **15 источников** и соответствует требованиям ФГОС ВО направления 35.03.05 Садоводство.

13. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» и обеспечивает использование современных образовательных, в том числе интерактивных методов обучения.

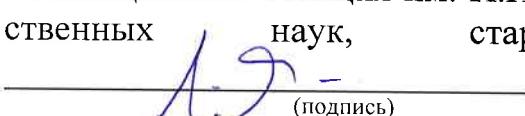
14. Методические рекомендации студентам и методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине дают представление о специфике обучения по дисциплине «Основы биоинформатики в селекции растений».

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Основы биоинформатики в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 35.03.05 Садоводство, направленность «Биотехнология и селекция растений» (квалификация выпускника – бакалавр), разработанная Лисовой Дарьей Дмитриевной, ассистентом и Монахосом Сократом Григорьевичем, заведующим кафедрой, д.с.-х.н., соответствует требованиям ФГОС ВО, современным требованиям экономики, рынка труда и позволит при её реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Монахос Григорий Федорович, генеральный директор ООО «Селекционная станция им. Н.Н.Тимофеева», кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник

«29» августа 2024 г.


(подпись)