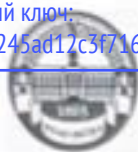


Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Шитикова Александра Васильевна
Должность: И.о. директора института агробиотехнологии
Дата подписания: 17.02.2025 11:32:19
Уникальный программный ключ:
fcd01ecb1fdf76898cc51f245ad12c3f716ce658




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

Институт агробиотехнологии
Кафедра генетики, селекции и семеноводства

УТВЕРЖДАЮ:

И.о. директора Института
агробиотехнологии

 А.В. Шитикова
«22» февраля 2024 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Б1.В.01.07 «БИОИНФОРМАТИКА ДЛЯ
ВЫСКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ»**

для подготовки бакалавров

ФГОС ВО 3++

Направление: 35.03.04 – Агрономия
Направленность: Генетика растений

Курс 4
Семестр 8

Форма обучения: очная

Год начала подготовки: 2024

Москва, 2024

Разработчики:

Вертикова Е.А., профессор, д.с.-х.н.  «23» сентября 2024 г.
(подпись)

Симагин А.Д., ассистент  «23» сентября 2024 г.
(подпись)

Симагина А.С., ассистент  «23» сентября 2024 г.
(подпись)


Рецензент: Тараканов И.Г., д-р биол. наук, профессор

 «23» сентября 2024 г.
(подпись)

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО,
профессионального стандарта и учебного плана по направлению подготовки
35.03.04 – Агрономия.

Программа обсуждена на заседании кафедры генетики, селекции и
семеноводства, протокол № 24 от «23» 09 2024.

И.о. зав. кафедрой Вертикова Е.А., д. с.-х. наук, профессор

 «23» сентября 2024 г.
(подпись)

Согласовано:

Председатель учебно-методической
комиссии Института агробиотехнологий
Шитикова А.В., д-р с.-х. наук, профессор  «23» сентября 2024 г.
(подпись)

И.о. заведующего выпускающей
кафедрой биотехнологии
Вертикова Е.А., с.-х. наук, профессор  «23» сентября 2024 г.
(подпись)

Заведующий отделом комплектования ЦНБ  Вертикова Е.А.
(подпись)

СОДЕРЖАНИЕ

АННОТАЦИЯ	4
1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	6
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ	6
3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ), СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	7
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	7
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЁМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ	7
ПО СЕМЕСТРАМ	7
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	10
4.3 ЛЕКЦИИ/ЛАБОРАТОРНЫЕ/ПРАКТИЧЕСКИЕ/ ЗАНЯТИЯ	12
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	15
6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	15
6.1. ТИПОВЫЕ КОНТРОЛЬНЫЕ ЗАДАНИЯ ИЛИ ИНЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НЕОБХОДИМЫЕ ДЛЯ ОЦЕНКИ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ И НАВЫКОВ И (ИЛИ) ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ	15
6.2. ОПИСАНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ И КРИТЕРИЕВ КОНТРОЛЯ УСПЕВАЕМОСТИ, ОПИСАНИЕ ШКАЛ ОЦЕНИВАНИЯ	18
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	18
7.1 ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА	18
7.2 ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА	18
7.3 НОРМАТИВНЫЕ ПРАВОВЫЕ АКТЫ	18
7.4 МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ, РЕКОМЕНДАЦИИ И ДРУГИЕ МАТЕРИАЛЫ К ЗАНЯТИЯМ	19
8. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)	19
9. ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ СИСТЕМ (ПРИ НЕОБХОДИМОСТИ)	19
10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ)	20
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ОБУЧАЮЩИМСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	20
Виды и формы отработки пропущенных занятий	20
12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.

АННОТАЦИЯ
рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.01.07 «Биоинформатика
для высокопроизводительного секвенирования» для подготовки
бакалавра по направлению «Агрономия» по направленности «Генетика
растений»

Цель освоения дисциплины: приобретение студентами теоретических знаний и практических навыков по основам биоинформатического анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, в том числе понятий выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, открытой рамки считывания; освоение баз данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, агрегаторов баз данных нуклеотидных последовательностей; освоение методологии анализа результатов секвенирования по Сэнгеру и различных методов массового параллельного секвенирования; навыков осуществления поиска, хранения, обработки и анализа профессиональной информации из различных источников и баз данных, представления ее в требуемом формате с использованием информационных, компьютерных и сетевых технологий, включая проведение расчетов и моделирование, с учетом основных требований информационной безопасности; умений принимать участие в разработке алгоритмов и программ, пригодных для практического применения в сфере своей профессиональной деятельности.

Место дисциплины в учебном плане: дисциплина включена в часть, формируемую участниками образовательных отношений учебного плана по направлению подготовки 35.03.04 – Агрономия.

Требования к результатам освоения дисциплины: в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.

Краткое содержание дисциплины: Освоение дисциплины направлено на ознакомление студентов с современной концепцией биологии, с теоретическими основами преобразования генома и культуры клеток и тканей живых организмов, а также на овладение практическими методами поиска и анализа биологических последовательностей. Освещение современного состояния биологической науки с точки зрения системного подхода позволяет заложить навыки работы с электронными ресурсами в области системной биологии. Умение планировать комплекс работ по генетической трансформации и по культуре клеток и тканей формируется в рамках дисциплины в ходе изучения этапов планирования, проведения и анализа результатов проведенных экспериментов. В рамках дисциплины закладывается умение критически оценивать как преимущества, так и недостатки рассматриваемых технологий.

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» являются: «Основы биоинформатики» 4 сем, «Общая генетика» 4 сем, «Частная генетика» 5 сем, «Основы молекулярной биологии» 5 сем, «Основы генетического анализа» 7 сем. Дисциплина «Биоинформатика для

высокопроизводительного секвенирования» является основополагающей для изучения следующих дисциплин: «Генетической инженерии растений», «Методы анализа генома», «Экологическая генетика».

Общая трудоемкость дисциплины/в т.ч практическая подготовка:
108 часов (3 зач.ед.) / в т.ч. 4 ч практической подготовки

Промежуточный контроль: зачет.

1. Цель освоения дисциплины

Целью освоения дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» является приобретение студентами теоретических знаний и практических навыков по основам биоинформатического анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, в том числе понятий выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, открытой рамки считывания; освоение баз данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, агрегаторов баз данных нуклеотидных последовательностей; освоение методологии анализа результатов секвенирования по Сэнгеру и различных методов массового параллельного секвенирования; навыков осуществления поиска, хранения, обработки и анализа профессиональной информации из различных источников и баз данных, представления ее в требуемом формате с использованием информационных, компьютерных и сетевых технологий, включая проведение расчетов и моделирование, с учетом основных требований информационной безопасности; умений принимать участие в разработке алгоритмов и программ, пригодных для практического применения в сфере своей профессиональной деятельности.

Освоение дисциплины направлено на ознакомление студентов с современной концепцией биологии, с теоретическими основами преобразования генома и культуры клеток и тканей живых организмов, а также на овладение практическими методами поиска и анализа биологических последовательностей (ДНК, РНК, протеины).

Цель дисциплины соотносится с общими целями основной профессиональной образовательной программы (ОПОП ВО) по направлению 35.03.04 – Агрономия, в рамках которого изучается данная дисциплина.

2. Место дисциплины в учебном процессе

Дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» включена часть, формируемую участниками образовательных отношений Учебного плана по направлению 35.03.04 – Агрономия. Дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» реализуется в соответствии с требованиями ФГОС, ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 35.03.04 – Агрономия.

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» являются: «Основы биоинформатики» 4 сем, «Общая генетика» 4 сем, «Частная генетика» 5 сем, «Основы молекулярной биологии» 5 сем, «Основы генетического анализа» 7 сем.

Дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» является основополагающей для изучения следующих дисциплин: «Генетической инженерии растений», «Методы анализа генома», «Экологическая генетика».

Особенностью дисциплины является фундаментальный подход к практической реализации целей освоения дисциплины, охватывающий широкий спектр теоретических знаний и практических навыков.

Рабочая программа дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» 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, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Образовательные результаты освоения дисциплины обучающимся, представлены в таблице 1.

4. Структура и содержание дисциплины

4.1 Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Общая трудоёмкость дисциплины составляет 3 зач. ед. (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 компетенции (или её части)	Индикаторы компетенций	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:		
				знать	уметь	владеть
1.	ПКос-1	Способен осуществить сбор информации, необходимой для оценки генетической организации сельскохозяйственных культур, в том числе с использованием цифровых средств и технологий	ПКос-1.1 Владеет методами поиска и анализа информации о генетической организации сельскохозяйственных культур; применяет цифровые средства и технологии	современные информационные, компьютерные и сетевые технологии и базы данных и перспективы их использования в генетике растений	использовать современные информационные, компьютерные и сетевые технологии и базы данных	навыками использования современных информационных, компьютерных и сетевых технологий и баз данных в генетике растений
			ПКос-1.2 Критически анализирует информацию и выделяет перспективные методы изучения и оценки генетической структуры сельскохозяйственных растений	коммуникативные задачи современных технических средств и информационных технологий	решать коммуникативные задачи современных технических средств и информационных технологий с использованием традиционных носителей информации	навыками использования традиционных носителей информации
			ПКос-1.3 Пользуется специальными программами и базами данных при генотипировании и фенотипировании сельскохозяйственных	пакеты прикладных программ для выполнения необходимых расчетов по моделированию процессов и объектов при производстве сельскохозяйственной	использовать пакеты прикладных программ для выполнения необходимых расчетов по моделированию процессов и объектов при производстве сельскохозяйственной	физическими принципами переработки информации, базами информационных данных

			культур	продукции	продукции	
4.	ПКос-4	Способен планировать научные исследования с использованием современных методов анализа растительных образцов на молекулярном и клеточном уровне, проводить измерения и наблюдения, анализировать их результаты, использовать при написании отчетов и научных публикаций	ПКос-4.4 Способен провести статистическую обработку результатов, оформить отчет и представить на обсуждение полученные результаты	основные методы алгоритмизации, языки и технологии программирования	использовать знания основных методов алгоритмизации, языки и технологии программирования при решении профессиональных задач в области информационных систем и технологий	навыками использования основных методов алгоритмизации, языков и технологии программирования

Таблица 2

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Вид учебной работы	Трудоёмкость	
	час. всего/*	В т.ч. по семестрам
		№ 8
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	108/4	108/4
1. Контактная работа:	60,25/4	60,25/0
Аудиторная работа	60,25/4	60,25/0
<i>в том числе:</i>		
<i>лекции (Л)</i>	30	30
<i>практические занятия (ПЗ)</i>	30/4	30/0
<i>контактная работа на промежуточном контроле (КРА)</i>	0,25	0,25
2. Самостоятельная работа (СРС)	47,75	47,75
<i>самостоятельное изучение разделов, самоподготовка (проработка и повторение лекционного материала и материала учебников и учебных пособий, подготовка к лабораторным и практическим занятиям, коллоквиумам и т.д.)</i>	38,75	38,75
<i>Подготовка к зачету (контроль)</i>	9	9
Вид промежуточного контроля:	Зачет	

* в том числе практическая подготовка.

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнённо)	Всего	Аудиторная работа			Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/С всего/*	ПКР	
Раздел 1. Общая биоинформатика					
Тема 1.1. Основные задачи и методы биоинформатики	16,5	5	5	-	6,5
Тема 1.2. Специфика работы с биологическими данными	16,5	5	5	-	6,5
Тема 1.3. Парное выравнивание	16,5/2	5	5/2	-	6,5
Раздел 2. Анализ данных секвенирования					
Тема 2.1. Стандартные компьютерные средства	16,45	5	5	-	6,45

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнённо)	Всего	Аудиторная работа			Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/С всего/*	ПКР	
визуализации и анализа нуклеотидных последовательностей					
Тема 2.2 Молекулярные основы мутаций	16,4/2	5	5/2	-	6,4
Тема 2.3. Методы детекции мутаций.	16,4	5	5		6,4
контактная работа на промежуточном контроле (КРА)	0,25	-	-	0,25	-
подготовка к зачету (контроль)	9	-	-	-	9
Всего за 8 семестр	108/4	30	30/4	0,25	47,75

* в том числе практическая подготовка

Раздел 1. Общая биоинформатика

Тема 1.1. Основные задачи и методы биоинформатики.

Биоинформатика как наука. История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Биоинформатические базы данных. Основы поиска записей, их использование в практической работе. Геномные браузеры. Основные научные проекты - генераторы молекулярно биологических данных. Референсный геном. Введение в базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, и др., основа формирования данных, типы данных для описания объектов (последовательностей ДНК, белков, данные microarray экспериментов) в базах данных, структура записей в файлах, форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных.

Тема 1.2. Специфика работы с биологическими данными.

Виды биологических последовательностей. Гомо-и гетерополимерные биологические макромолекулы. Основные электронные биологические базы данных, содержащие информацию о биологических последовательностях: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).

Тема 1.3. Парное выравнивание

Выравнивание и сравнение последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий. Попарное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Расчёт оценки выравнивания (Score). Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое

программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Fasta. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST.

Раздел 2. Анализ данных секвенирования нуклеиновых кислот

Тема 2.1. Стандартные компьютерные средства визуализации и анализа нуклеотидных последовательностей.

Chromas, Integrative Genome Viewer, UCSC Genome Browser. Принципы работы с результатами высокопроизводительного параллельного секвенирования ДНК. Сборка геномов. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Принципы поиска экзонов и интронов. Поиск ORF (открытых рамок считывания).

Тема 2.2 Молекулярные основы мутаций

Мутации: классификация и номенклатура. Определение генетической мутации генетического полиморфизма, понятие о частых и редких полиморфизмах. Влияние средовых факторов на характер проявления фенотипического эффекта мутации. Классификация генетических мутаций – по уровням организации генома, по локализации в геноме, по типу производимого биологического эффекта, по влиянию на структуру белкового продукта гена, по отношению к зародышевому пути, по локализации в клетке, по частоте встречаемости в популяции. Номенклатура генных мутаций: буквенные обозначения нуклеотидов геномной ДНК, кДНК, РНК, митохондриальной ДНК, аминокислот белка; нумерацию нуклеотидов молекуле ДНК, обозначение кодирующих и некодирующих участков ДНК, номенклатуру мутаций сайтов сплайсинга, номенклатуру инсерций и делеций однонуклеотидных замен. Особенности записи мутационного изменения на уровне белкового продукта.

Тема 2.3. Методы детекции мутаций.

Вырожденность генетического кода и синонимичные замены нуклеотидов, механизмы патогенности синонимичных замен. Влияние миссенс, нонсенс, синонимичных генных мутаций, инсерций/делеций на количество и структуру белкового продукта. Деградация мРНК как результат нонсенс-мутации. Зависимость эффекта нонсенс-мутации от расположения в гене относительно его 3'-конца. Понятие эволюционной консервативности участков генома. Использование анализа консервативности для оценки патогенности миссенс-мутаций. Использование данных структурного анализа белка для предсказания функциональной значимости миссенс-мутаций. Использование матриц частот замен аминокислот в эволюции PAM и BLOSUM для оценки возможной патогенности миссенс-мутаций.

4.3 Лекции/практические занятия

Таблица 4

Содержание лекций/ практических занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций и лабораторных занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
Раздел 1. Общая биоинформатика					30/2
1	Тема 1.1. Основные задачи и методы биоинформатики.	Лекция № 1 «Биоинформатика как наука. История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	-	5
2		Практическое занятие № 1 «Введение в базы данных»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	устный опрос по теме занятия	5
3	Тема 1.2. Специфика работы с биологическими данными.	Лекция № 2 «Виды биологических последовательностей»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	-	5
4		Практическое занятие № 2 «Основные электронные биологические базы данных, содержащие информацию о биологических последовательностях»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	устный опрос по теме занятия	5
5	Тема 1.3. Парное выравнивание	Лекция № 3 «Выравнивание и сравнение последовательностей. Цели и типы выравниваний»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	-	5
6		Практическое занятие № 3 «Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	устный опрос по теме занятия	5/2
Раздел 2. Анализ данных секвенирования нуклеиновых кислот					30/2
7	Тема 2.1.	Лекция № 4	ПКос-1.1;	-	5

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций и лабораторных занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
	Стандартные компьютерные средства визуализации	«Принципы работы с результатами высокопроизводительного параллельного секвенирования ДНК»	ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.		
8	и анализа нуклеотидных последовательностей	Практическое занятие № 4 «Инструменты для анализа качества результатов секвенирования»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	устный опрос по теме занятия	5
9	Тема 2.2 Молекулярные основы мутаций	Лекция № 5 «Определение генетической мутации генетического полиморфизма, понятие о частых и редких полиморфизмах»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	-	5
10		Практическое занятие №5 «Мутации: классификация и номенклатура»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	устный опрос по теме занятия	5/2
11	Тема 2.3. Методы детекции мутаций.	Лекция №6 «Вырожденность генетического кода и синонимичные замены нуклеотидов, механизмы патогенности синонимичных замен»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	-	5
12		Практическое занятие №6 «Вырожденность генетического кода и синонимичные замены нуклеотидов, механизмы патогенности синонимичных замен»	ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.	устный опрос по теме занятия	5

Таблица 5

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
1	Тема 1.1. Основные задачи и методы биоинформатики.	Реферирование научных статей на русском и иностранных языках по теме дисциплины. Работа с биоинформатическими базами данных. (ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.)
2	Тема 1.3. Парное выравнивание	Эволюция. Статистическая значимость выравнивания последовательностей. Специфичные требования к поиску в базах данных. Эвристический поиск в базах данных. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). FASTA. Сравнение FASTA и BLAST. Поиск в базе данных методом Смита-Уотермана. Функция придания весов. Алгоритмы полного перебора. Эвристические алгоритмы. (ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-4.4.)

5. Образовательные технологии

Таблица 6

Применение активных и интерактивных образовательных технологий

№ п/п	Тема и форма занятия	Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий	
1.	Цель, возможности, применение, ограничения биоинформатики	Л	лекция-дискуссия
2.	Предсказание структуры протеинов	ПЗ	мозговой штурм

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

1) Примерные вопросы для обсуждения на практических занятиях

1. Биоинформатика как наука.
2. История возникновения биоинформатики как науки.
3. Современные взгляды на биоинформатику
4. Возможности и перспективы применения биоинформатики.
5. Выравнивание и сравнение последовательностей.
6. Цели и типы выравниваний.
7. Методы изучения подобий.
8. Методы парного выравнивания
9. Алгоритм Ниделмана-Вунша

10. Динамическое программирование
11. Алгоритм Смита-Уотермана
12. Основные критерии патогенности мутаций.
13. Интеграторы баз данных.

2) Примерные вопросы для тестирования

1. Какое вещество присутствует в клеточных стенках грибов и покровах насекомых?
 - а) хитин
 - б) хитиназа
 - в) хинин
 - г) пектиназа
2. Компонентами какой системы устойчивости являются дефензины и ингибиторы протеиназ?
 - а) вертикальной
 - б) горизонтальной
3. Каким свойством обладает антисмысловая РНК?
 - а) совпадает по последовательности нуклеотидов со смысловой РНК
 - б) комплементарна последовательности смысловой РНК
 - в) отличается от нуклеотидной последовательности смысловой РНК
4. Какой участок Ti-плазмиды отвечает за вырезание T-ДНК и перенос ее в растение?
 - а) *vir*
 - б) *ori*
 - в) *tra*
 - г) *cos*
5. Вырожденностью генетического кода обусловлены
 - а) Мутации
 - б) Синонимичные замены
 - с) Инсерции
 - д) Транслокации
 - е) Промоторы
6. Явление представленности гена в популяции более чем одним аллелем называется
 - а) Полиморфизм
 - б) Гетерозиготность
 - с) Гетероскедастичность
 - д) Гомозиготность
 - е) Гаплотип
7. Совокупность аллелей на локусах одной хромосомы, обычно наследуемых
 - а) Тандемный повтор
 - б) Аллельные варианты гена
 - с) Гаплотип
 - д) Консервативность

- е) Естественный отбор
- 8. Характерная последовательность нуклеотидов, которая имеет существенное биологическое значение
 - а) Промотор
 - б) Мотив
 - с) Сплайсинг
 - д) Тандемный повтор
 - е) Интрон
- 9. Преждевременный стоп-кодон
 - а) Последствие мутации сдвига рамки считывания
 - б) Приводит к замене аминокислоты
 - с) Ускоряет транскрипцию
 - д) Замедляет процесс старения
 - е) Причина болезни экспансии повторяющихся последовательностей ДНК

3) Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (зачет):

1. Цели биоинформатики.
2. Сфера применения биоинформатики.
3. Базы данных и их классификация.
4. Биологические базы данных: примеры и способы использования.
5. Поиск информации в биологических базах данных.
6. Понятия гомологии, подобия и идентичности биологических последовательностей.
7. Матрицы весов. Статистическая значимость выравнивания биологических последовательностей.
8. Классификация способов поиска в базах данных.
9. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).
10. Формат FASTA.
11. Поиск в базе данных методом Смита-Уотермана.
12. Алгоритмы полного перебора и эвристические алгоритмы.
13. Программы предсказания генов.
14. Предсказание генов в про- и эукариотах.
15. Предсказание промоторов и регуляторных элементов в про- и эукариотах.
16. Молекулярная эволюция и молекулярная филогенетика.
17. Филогения генов vs. филогения видов.
18. Формы представления филогенетических деревьев.
19. Методы построения филогенетических деревьев.
20. Оценка филогенетических деревьев.
21. Филогенетические программы.
22. Уровни организации протеинов.
23. Базы данных структур протеинов.
24. Визуализация, сравнение и классификация структур протеинов.
25. Предсказание вторичной структуры глобулярных и трансмембранных протеинов.

26. Предсказание суперспирали.
27. Моделирование гомологии.
28. Предсказание структуры протеина *ab initio*.

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

Обучение студентов заканчивается зачетом.

Для оценки знаний, умений, навыков и формирования компетенции по дисциплине применяется **традиционная** система контроля и оценки успеваемости студентов.

Студент получает зачет по дисциплине «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования», если положительно оценены выступления на семинарах и тестирования по темам курса, пропущено не более 5% лекционных и практических занятий, пропущенные занятия отработаны.

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

1. Смирязев А.В., Панкина Л.К. Основы биоинформатики: Учебное пособие. – М.: ФГОУ ВПО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 2008. – 102 с.
2. Генетика: учебник для вузов / Н. М. Макрушин, Ю. В. Плугатарь, Е. М. Макрушина [и др.]; — 3-е изд., перераб. и доп. — Санкт-Петербург: Лань, 2021. — 432 с. — ISBN 978-5-8114-8097-5. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/177828>
3. Баженова, И. А. Основы молекулярной биологии. Теория и практика: учебное пособие для вузов / И. А. Баженова, Т. А. Кузнецова. — 2-е изд., стер. — Санкт-Петербург: Лань, 2021. — 140 с. — ISBN 978-5-8114-6787-7. — Текст : электронный // Лань: электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/152444> \

7.2 Дополнительная литература

1. Галимова, Э. М. Генетика с основами молекулярной биологии: лабораторный практикум : учебное пособие / Э. М. Галимова, Г. Ф. Галикеева, О. В. Гумерова. — Уфа : БГПУ имени М. Акмуллы, 2022. — 80 с. — ISBN 978-5-907475-57-1. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/288419>
2. Сергеева, А. Д. Пособие к практическим занятиям по молекулярной биологии : учебно-методическое пособие / А. Д. Сергеева, А. Д. Перенков, М. В. Ведунова. — Нижний Новгород : ННГУ им. Н. И. Лобачевского, 2023 — Часть 5 : Исследование метилирования ДНК с использованием системы MassARRAY от Agena Bioscience — 2023. — 26 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/431432>
3. Резяпкин, В. И. Молекулярная биология: практикум : учебное пособие / В. И. Резяпкин. — 6-е изд., перераб. — Гродно : ГрГУ им. Янки Купалы, 2022. — 45 с. — ISBN 978-985-582-478-8. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/262364>

4. Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений / под ред. Вл.В. Кузнецова, В.В. Кузнецова, Г.А. Романова. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2011. – 487 с.:илл. – (Методы в биологии)

5. Патрушев Л.И. Искусственные генетические системы. Т.1: Генная и белковая инженерия / Л.И. Патрушев; Ин-т биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН. Отв. ред. А.И. Мирошников. М.: Наука, 2004. 526 с.

6. Петряков, В. В. Молекулярная биология : методические указания / В. В. Петряков. — Самара : СамГАУ, 2022. — 32 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/324728>

7. Коничев, А. С. Молекулярная биология : учебник для вузов / А. С. Коничев, Г. А. Севастьянова, И. Л. Цветков. — 5-е изд. — Москва : Издательство Юрайт, 2025. — 422 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-13468-1. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. с. 2 — URL: <https://urait.ru/bcode/565300/p.2>

8. Основы биотехнологии : учебное пособие / Н. Е. Павловская, И. В. Горькова, И. Н. Гагарина, А. Ю. Гаврилова. — Орел : ОрелГАУ, 2013. — 215 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/71482>

9. Плотникова, Л. Я. Сельскохозяйственная биотехнология / Л. Я. Плотникова. — Омск : Омский ГАУ, 2014. — 80 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/60692>

10. Ващенко, Т. Г. Основы классической генетики : учебное пособие / Т. Г. Ващенко, Г. Г. Голева, Т. И. Крюкова. — Воронеж : ВГАУ, 2018. — 158 с. — ISBN 978-5-7267-0926-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/178943>

7.3 Методические указания, рекомендации и другие материалы к занятиям

1. Бородовский М., Екишева С. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей. — М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2008. — 440 с.

2. Практикум по биотехнологии растений / Е.А. Калашникова, М.Ю. Чередниченко, Н.П. Карсункина, М.Р. Халилуев. Изд. 3-е, испр. и доп. М.: Изд-во РГАУ-МСХА, 2014. 148 с.

3. Лабораторный практикум по культуре клеток и тканей растений / Е.А. Калашникова, М.Ю. Чередниченко, Р.Н. Киракосян, С.М. Зайцева. М.: ФГБНУ «Росинформагротех», 2017. 140 с.

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

{В список включается перечень программных продуктов, используемых при проведении различных видов занятий (по видам), ссылки на ресурсы Internet}.

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - National Center of Biotechnology Information (открытый доступ)

2. <https://www.embl.org/> - European Molecular Biology laboratory (открытый доступ)
3. <https://www.uniprot.org/> - UniProt (открытый доступ)
4. <http://www.insdc.org/> - International Nucleotide Sequence Database Collaboration (открытый доступ)

9. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Таблица 7

Сведения об обеспеченности специализированными аудиториями, кабинетами, лабораториями

Наименование специальных* помещений и помещений для самостоятельной работы (№ учебного корпуса, № аудитории)	Оснащенность специальных помещений и помещений для самостоятельной работы**
1	2
Учебная лаборатория для проведения занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации (Учебный корпус № 37, аудитория № 212)	Стул со столиком 30 шт, стулья с металлическими ножками -16 шт, столы 16 шт, мониторы 16 шт, наушники 16, системный блок 16 шт, шкаф 1 шт, кондиционер 1 шт, интерактивная компьютерная доска Lumen- 1 шт
Учебная лаборатория для проведения занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации (Учебный корпус № 37, аудитория № 212)	Стул со столиком 30 шт, стулья с металлическими ножками -16 шт, столы 16 шт, мониторы 16 шт, наушники 16, системный блок 16 шт, шкаф 1 шт, кондиционер 1 шт, интерактивная компьютерная доска Lumen- 1 шт
Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова.	Читальные залы библиотеки.

11. Методические рекомендации обучающимся по освоению дисциплины

Для успешного усвоения каждой из тем дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» студент должен внимательно прослушать и законспектировать лекцию по конкретной теме, подготовиться к выполнению практической работы, ответить на вопросы преподавателя на практическом занятии. Для самоконтроля студентов предназначены контрольные вопросы.

Для конспектирования лекций рекомендуется завести отдельную тетрадь из 96 листов. Конспект каждой лекции следует начинать с названия темы лекции и указания даты ее проведения. Все заголовки разделов лекции следует четко выделять, например, подчеркиванием. Во время лекции следует внимательно

следить за ходом мысли лектора и записывать важнейшие

определения, разъяснения, формулы, термины. Также нужно стараться воспроизводить в конспекте рисунки и таблицы, которые демонстрирует лектор. При самостоятельной работе студента с конспектом лекций следует осуществлять самопроверку, то есть следить за тем, чтобы освоенным оказался весь материал, изложенный в лекции. Материал, который кажется студенту недостаточно понятным, следует проработать по учебнику и воспользоваться помощью преподавателя на консультациях. Работать с конспектом лекций следует еженедельно, внося в него свои дополнения, замечания и вопросы (для этого в тетради следует оставлять широкие поля).

При подготовке к практической работе необходимо составить краткий (1-2 страницы) конспект теоретического материала. Домашняя подготовка является необходимой частью практической работы. Кроме того, ограниченное время, отводимое на выполнение практической работы, требует хорошо скорректированных действий студента, к которым также необходимо предварительно подготовиться.

Виды и формы отработки пропущенных занятий

Студент, пропустивший лекцию, представляет конспект по теме лекции. При пропуске практического занятия студент представляет реферат по теме практического занятия. Оценка рефератов и практических занятий – зачтено, не зачтено.

11. Методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине

Главная задача дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» - сформировать у студентов целостное представление о принципах и методах генетической трансформации и культуры клеток и тканей живых объектов, а также анализа биологических последовательностей; научить планировать комплекс исследований по подготовке, проведению и оценке результатов биоинженерного эксперимента.

При преподавании дисциплины необходимо ориентироваться на со-временные образовательные и информационные технологии. Необходимо проводить устный опрос студентов и контролировать выполнение заданий. Контрольные вопросы выдаются студентам по разделам и темам непосредственно перед их изучением. Акцент делается на активные методы обучения на практических занятиях и интерактивной форме обучения.

Программу разработал (и):

Вертикова Е.А., профессор, д.с.-х.н.  «13» сентября 2024 г.
(подпись)

Симагин А.Д., ассистент  «13» сентября 2024 г.
(подпись)

Симагина А.С., ассистент  «13» сентября 2024 г.
(подпись)

РЕЦЕНЗИЯ
на рабочую программу дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования»
ОПОП ВО по направлению 35.03.04 – «Агрономия», направленность «Генетика растений» (квалификация выпускника – бакалавр)

Тарakanовым Иваном Германовичем, заведующим кафедрой физиологии растений ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, доктором биологических наук (далее по тексту рецензент), проведена рецензия рабочей программы дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» ОПОП ВО по направлению 35.03.04 – «Агрономия», направленность «Генетика растений» (бакалавриат), разработанной в ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», на кафедре генетики, селекции и семеноводства (разработчики – Вертикова Елена Александровна, профессор кафедры генетики, селекции и семеноводства, доктор сельскохозяйственных наук, Симагин Александр Дмитриевич, ассистент кафедры генетики, селекции и семеноводства, Симагина Анастасия Сергеевна, ассистент кафедры генетики, селекции и семеноводства).

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

1. Предъявленная рабочая программа дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС по направлению 35.03.04 – «Агрономия». 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 учебного цикла – Б1.В.

3. Представленные в Программе **цели** дисциплины соответствуют требованиям ФГОС направления 35.03.04 – «Агрономия».

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» закреплено **2 компетенции с 4 индикаторами**. Дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» и представленная Программа способна реализовать их в объявленных требованиях.

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

6. Общая трудоёмкость дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» составляет 3 зачётных единицы (108 часов).

7. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Дисциплина «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 35.03.04 – «Агрономия» и возможность дублирования в содержании отсутствует. Поскольку дисциплина не предусматривает наличие специальных требований к входным знаниям, умениям и компетенциям студента, хотя может являться предшествующей для специальных, в том числе профессиональных дисциплин, использующих знания в области геномного редактирования в профессиональной деятельности магистра по данному направлению подготовки.

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

9. Программа дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» предполагает проведение занятий в интерактивной форме.



Виды, содержание и трудоёмкость самостоятельной работы студентов,

представленные в Программе, соответствуют требованиям к подготовке выпускников, содержащимся во ФГОС ВО направления 35.03.04 – «Агрономия».

11. Представленные и описанные в Программе формы текущей оценки знаний (опрос в форме обсуждения отдельных вопросов), соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

Форма промежуточного контроля знаний студентов, предусмотренная Программой, осуществляется в форме зачета, что соответствует статусу дисциплины как обязательной – Б1.В ФГОС направления 35.03.04 – «Агрономия».

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

13. Учебно-методическое обеспечение дисциплины представлено: основной литературой – 3 источника (базовых учебников), дополнительной литературой – 10 наименований и соответствует требованиям ФГОС направления 35.03.04 – «Агрономия».


14. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» и обеспечивает использование современных образовательных, в том числе интерактивных методов обучения.

15. Методические рекомендации студентам и методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине дают представление о специфике обучения по дисциплине «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования».

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Биоинформатика для высокопроизводительного секвенирования» ОПОП ВО по направлению 35.03.04 – «Агрономия», направленность «Генетика растений» (квалификация выпускника – бакалавр), разработанная Вертиковой Е.А., профессором кафедры генетики, селекции и семеноводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», доктором сельскохозяйственных наук, Симагиным А.Д., ассистентом кафедры генетики, селекции и семеноводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», Симагиной А.С., ассистентом кафедры генетики, селекции и семеноводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» соответствует требованиям ФГОС ВО, современным требованиям экономики, рынка труда и позволит при её реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Тараканов И.Г., заведующий кафедрой физиологии растений ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», доктор биологических наук, профессор


(подпись) «13» октября 2024 г.