

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Макаров Сергей Сергеевич

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

Дата подписания: 18.08.2024 10:56:44

Уникальный программный ключ:

75bfa38f9af1852dd87cd3ecd1bfa3eefe320d6



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.02 Биоинформатика в селекции растений

для подготовки магистров

ФГОС ВО

Направление 35.04.05 Садоводство

Направленность (программа) «Биотехнология и селекция растений»

Курс: 1

Семестр: 1

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)

«29» августа 2024 г.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО, по направлению подготовки 35.04.05 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)

«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 «БИОИНФОРМАТИКА В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ», СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	5
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	5
4.1. Распределение трудеоемкости дисциплины по видам работ по семестрам	5
4.2. Содержание дисциплины	5
4.3. Трактиские занятия	9
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	12
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 (или) опыта деятельности	16
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	21
7.1. ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА	21
7.2. ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА	21
8. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)	21
9. ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ СИСТЕМ	21
10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ	22
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ СТУДЕНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	23
Виды и формы отработки пропущенных занятий	23
12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДОДАВАТЕЛЮ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	23

АННОТАЦИЯ

рабочей программы учебной дисциплины

Б1.В.02 «Биоинформатика в селекции растений»

для подготовки магистра по направлению 35.04.05 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 бионформатики. Знакомство с алгоритмами основных бионформатических 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 35.04.05 Садоводство

Требования к результатам освоения дисциплины: в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: 2 професиональные компетенции ПКос-3, ПКос-4 (ПКос-3.1; ПКос-3.2; ПКос-4.1; ПКос-4.2; ПКос-4.3).

Краткое содержание дисциплины: биоинформатика 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. Биоинформатика в селекции растений играет важную роль в улучшении качества растительных культур и повышении урожайности.

Общая трудоемкость дисциплины: 108/3 (часы/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 биоинформатических методов для решения основных и прикладных задач, связанных с селекцией, молекулярной генетикой и биотехнологией. Также, 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 «Биоинформатика в селекции растений» включена в часть профессионального цикла, формируемую участниками образовательных отношений. Реализация в дисциплине «Биоинформатика в селекции растений» требований

ФГОС ВО, ОГОП и Учебного плана по направлению 35.04.05 Садоводство для подготовки магистров направленности «Биотехнология и селекция растений».

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

Дисциплина «Биоинформатика 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 биоинформационными 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 коллирующие и регуляторные участки в ДНК, определять и исследовать точечные мутации, а также предсказывать структуру и функцию белков.

Рабочая программа дисциплины «Биоинформатика 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 «Биоинформатика 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

Общая трудоёмкость дисциплины составляет 3 зачел. (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	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:	
			Индикаторы компетенции	Знать
1.	ПКос-3	Способен самостоятельно в качестве руководителя или вспомогательного научно-исследовательского коллектива управлять и координировать процессом научно-исследовательской деятельности в областях, связанных с изучением предметных областей в избранной и смежных областях	ПКос-3.2. проводить производственно-технологическую деятельность в областях, связанных с изучением предметных областей	находить, анализировать, обобщать и систематизировать полученные в ходе лабораторных экспериментов, для постановки информатико-поступательных научных гипотез и выявления новых методов их достижения;
			ПКос-3.3. использовать методы искусствования биоинформатических построений для решения профессиональных задач	правилами расчетов оптимальных параметров проведения анализа, систематизации и интерпретации данных и их корректирования;
			ПКос-3.4. использовать методы искусствования биоинформатических построений для решения профессиональных задач	основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации о структуре и функции структуры и функции белков;
			ПКос-3.5. использовать современные технологии для решения задач профессиональной деятельности	методами и принципами биоинформатики применительно к конкретным технологиям методов биоинформатики.
			ПКос-3.6. обладать знаниями и навыками использования программных средств и различными базами данных	навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях.

		примененные при решении теоретических и практических задач в селекции растений и животных	баз данных и специфику работы с ними	использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам
	ПКс-4.1 спедифика полевых и лабораторных работ в соответствии с избранный предметной областью, принципы работы, используемого оборудования (специализированных пакетах прикладных программ)	технические и программные средства реализации функциональных методов анализа	использовать ставартические и специализированные пакеты прикладных программ для решения биогностических задач биоинформатики	методами проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биодостовательностей
2.	Способен профессионально работать с использовательским и инструментальным оборудованием (приборами и установками, специализированными пакетами прикладных программ) в избирательной предметной области	базовые основы и основные направления развития биотехнологии, генетических и селекционных, генной инженерии, молекуларного моделирования, а также их практическое использование	пользоваться современными инструментами и подразделами при молекуларной диагностике, применять полученные знания на практике, критически анализировать полученную информацию и представляемый результаты исследований	навыками использования программных средств и работы в комплексных сетях, для поиска научной информации
	ПКс-4.2 способность оценивать полученные данные при работе с информационными системами	основные ресурсы информационно-технологической и муниципальной сети Интернет; информационные системы данных при составлении рефератов, научных статей, тезисов, результатов	использованиями информационными базами данных при составлении рефератов, научно-исследовательских статей, тезисов, результатов	

7

стемы для поиска научной биологической информации профессиональной деятельности

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 2а

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам		Грудоёмкость
Вид учебной работы		час.
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану		108
1. Контактная работа:		40,4
Аудиторная работа		38
<i>6 том числе:</i>		
лекции (Л)		14
практические занятия (ПЗ)		24
консультации перед экзаменом		2
2. Самостоятельная работа (СРС)		67,6
<i>самостоятельное изучение разделов, самогодзотка</i>		34
<i>(приработка и повторение лекционного материала и материалов учебников и учебных пособий, подготовка к лабораториям и практическим занятиям, коллоквиумам и т.д.)</i>		0,4
<i>Подготовка к экзамену (контроль)</i>		33,6
<i>Выполнение промежуточного контроля:</i>		Экзамен
Итого по дисциплине		108
	14	24
	24	67,6
	33,6	0,4
	67,6	34

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплины (уточнённо)	Всего	Аудиторная работа			Всегда либо личная работа СР
		Л	ПЗ/С	ПКР	
Раздел 1 Биоинформатика в селекции растений	108	14	24	2,4	34
Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	7	1	2	-	4
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
Тема 5. Анализ последовательностей	8	2	2	-	4
ДНК и РНК	12	2	4	-	6
Тема 6. Филогения	10	2	4	-	4
Тема 7. Анализ протеомных данных	10	2	4	-	4
Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	10	2	4	-	4
Консультация перед экзаменом	2	-	-	2	-
Контактная работа на промежуточном контроле (КРА)	0,4	-	-	0,4	-
Подготовка к экзамену	33,6	-	-	-	33,6
Итого по дисциплине	108	14	24	2,4	67,6

Раздел 1 Биоинформатика 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 Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа 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. 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 Нильсмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью

программ ClustalW, Praline, Proacons, 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 целям геномом. Инструменты для сборки и работы с геномом. Микроципы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технология RNASeq. Инструменты для анализа качества результатаов 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 родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Геномология деревьев.

Тема 7. Анализ протеомных данных

Структура белка (вторичная, третичная, четвертичнаая). Методы получения трехмерной структуры белка. РДБ. Структура РДБ файла. Базы данных трехмерных структур (САTH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCB1 CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Вываления 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 гомологического моделирования в программе Modeller.

Тема 8. Методы бионинформатики 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 практического, семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
			ПКос-3, ПКос-4	устный опрос, контрольная работа 1,2	
1	Раздел 1. Бионинформатика в селекции	Лекционное занятие №1. Введение в бионинформатику в селекции растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
2	Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	Практическое занятие №1. Основные понятия: ДНК, РНК, Ген, Геном, транскриптом, протеом. Понятие синкенса.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
3	Тема 3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Практическое занятие №2. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль бионинформатики в селекционной работе.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
4	Тема 4. Парное и множественное выравнивание	Практическое занятие №3. Структура и функция ДНК и РНК. Гены и их экспрессия. Геномные и транскриптомные анализы.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
5	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	Практическое занятие №4. Базы данных. Классификация баз данных.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
6	Тема 6. Анализ протеомных данных	Практическое занятие №5. Парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	4
7	Тема 7. Методы бионинформатики в селекции растений	Практическое занятие №6. Анализ последовательностей ДНК и РНК	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2

Таблица 5

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ практических/ семинарских занятий	Формы учебных контрольных комплексов и конспект мероприятия	Вид контрольного контроля	Кол-во часов
	Практическое занятие №6. Методы секвенирования генома и транскриптома	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1	
	Практическое занятие №7. Функциональное аннотирование генома и транскриптома. Сравнительный анализ генома и транскриптома.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2	
	Рубежная контрольная работа по темам 3, 4, 5	ПКос-3, ПКос-4	контрольная рабочая 2	1	
6	Тема 6. Филогения	Лекционное занятие №6. Филогения	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
	Практическое занятие №8. Филогетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1	
	Практическое занятие №9. Филогения. База данных NCBI HomoGene. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1	
7	Тема 7. Анализ протеомных данных	Лекционное занятие №7. Анализ протеомных данных	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
	Практическое занятие №10. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявление сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST).	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2	
	Практическое занятие №11. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2	
8	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	Лекционное занятие №8. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
	Практическое занятие №13. Построение генетических карт и межвидовых карт.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2	

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ **Название раздела, темы** **Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения**

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
1.	Раздел 1. Биоинформатика в селекции	Определение понятия «биотехнология и селекция растений». Основные понятия: ДНК, РНК, ген, Геном, транскриптом, протеом. Понятие секванса. Основные задачи и направления биоинформатики. Геном растений: ядерный, митохондриальный, пластиом. Роль биоинформатики в селекции растений. 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
3.	Тема 3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Способы представления информации о последовательностях. Основные структуры 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 HomoGene. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCB1 Structure, NCBI CDD). Регуляторные 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. Алгоритмы выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Нидестмана-Вунна, динамическое программирование, алгоритм Смита-Утермана). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественное выравнивание. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания решения задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Prairine, Probeson, MUSCLE, T-Coffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регуляторные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств PFAM. ПКос-3, ПКос-4
4.	Тема 4. Парное и множественное выравнивание	Анализ последовательностей нуклеотидов. Методы секвенирования генома и транскриптома. Современные принципы работы с целям стей ДНК и РНК. Инструменты для сборки и работы с геномом. Микроципы
5.	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
6.	Тема 6. Филоге- ния	<p>Филогенетический анализ и молекулярная эволюция. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализы данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Изменчивость генетической информации: деления, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации. Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Принципы определения филогенетического ростства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Генотипология деревьев. ПКос-3, ПКос-4</p>
7.	Тема 7. Анализ протеомных дан- ных	<p>Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB-файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBP CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявление 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 гомологического моделирования в программе Modeler. ПКос-3, ПКос-4</p>
8.	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	<p>Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений. Построение генных карт и междувидовых карт. Количественная генетика и селекционные индексы. Моделирование генотипических и фенотипических характеристик. ПКос-3, ПКос-4</p>

Наименование используемых активных и интерактивных образова-тельных технологий (форм обучения)			
№ п/п	Тема и форма занятия		активных и интерактивных образова-тельных технологий (форм обучения)
3.	Тема 4. Парное и множественное выравнивание.	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
4.	Тема 5. Анализ последовательности ДНК и РНК	ПЗ	Круглый стол
5.	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции 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 контроль)**
- Устный опрос**
- Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
 - Организация геномов про- и эукариот.
 - Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблиям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.
 - Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике.
 - Методы онтологического моделирования.
 - Алгоритмы структурной и функциональной аннотации геномных последовательностей.
 - Методы выравнивания последовательностей.
 - Быстрый поиск последовательностей в банках данных.
 - Алгоритмы BLAST, BLAT, SSAHA.
 - Ассемблирование геномов.
 - Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков;
 - Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций.
 - Сравнение пространственных структур белков.
 - Предсказание и моделирование пространственных структур белков.
 - PDB. Структура записи PDB.
 - Предсказание параметров спирали ДНК.
 - Предсказание и представление вторичной структуры РНК. Минимизация энергии вторичной структуры (динамическое программирование).
 - Основы структур баз данных (записи, поля, объекты). Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые).

Применение активных и интерактивных образовательных технологий			
№ п/п	Тема и форма занятия	Наименование используемых активных и интерактивных образова-тельных технологий (форм обучения)	
1.	Введение	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
1.	Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
2.	Тема 3. Основы биоинформатики ресурсы и базы данных	ПЗ	Круглый стол

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 базы (физические карты). Специализированные банки данных.

22. Фолдинг и его распознавани

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

24. Функциональные особенности основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blast), белковые (blastp, cdar, 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. Транзиции и трансверсии.

30. Факторы эволюции генетических систем.

Контрольная работа №1

Вариант 1

1. Определение понятия «Биотехнология и селекция растений».

2. Структура генома растений: организация генетического материала, особенностя строения хромосом.

3. Методы анализа транскриптома.

4. Типы эпигенетических механизмов регуляции.

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.

Контрольная работа №2

Вариант 1

1. Глобальное и локальное выравнивание.

2. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания.

3. Методы секвенирования генома.

4. Методы анализа множественной экспрессии генов.

Вариант 2

5. Парное выравнивание.

6. Метод скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.

7. Методы секвенирования транскриптома.

8. Микрочины (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.

22. Парное выравнивание.

23. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).

24. Принципы выравнивания последовательностей.

25. Понятие томологии.

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 Ниделмана-Бунша.

60,1 – 65 %
Менее 60 %

Удовлетворительно
Неудовлетворительно

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

- 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.
- Компю, Ф. Алгоритмы биоинформатики / Ф. Компю, П. Певзнер ; перевод с английского И. Л. Лоско.. — 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> +
- 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> +
- Котиков, П. Е. Анализ данных : учебно-методическое пособие / П. Е. Котиков. — Санкт-Петербург : СПбГТУ, 2019. — 48 с. — ISBN 978-5-907184-46-6. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/174498> +
- Кузьмин, В. И. Методы анализа данных : учебное пособие / В. И. Кузьмин, А. Ф. Гадзаев. — 2-е изд., перераб. и доп. — Москва : РГУ МИРЭА, 2020. — 155 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/71433> +
- Пильнин, В. В. Основы селекции и семеноводства / В. В. Пильнин, А. Н. Бerezkin ; Под ред.: Пильнин В. В. — 2-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2024. — 216 с. — ISBN 978-5-507-45402-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/267383> +
- Общая селекция растений / Ю. Б. Коновалов, В. В. Пильнин, Т. И. Хупана-рия, В. С. Рубец. — 5-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2024. — 480 с. — ISBN 978-5-507-45737-3. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/28236> +

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

- Protein Data Bank, база данных PDB — <http://www.rcsb.org> (открытый доступ)
- Европейская молекулярно-биологическая лаборатория — <https://www.embl.org/> (открытый доступ)

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

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

Таблица 8

**Сведения об обеспечеченности специализированными аудиториями, ка-
бинетами, лабораториями**

Наименование специальных помещений и помещений для самостоятельной работы (№ учебного корпуса, № аудитории)	Оснащенность специальных помещений и помещений для самостоятельной работы**
1 Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, Читальные залы библиотеки	Столы, стулья, учебная литература
Общежитие №5 Комната для самоподготовки	Столы, стулья

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 данных дисциплин.

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, представлять на проверку домашнюю работу, готовиться к проверочным и контрольным работе, 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 исправить 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 магистра и в профессиональной деятельности.

При преподавании курса необходимо ориентироваться на современные образовательные технологии путем использования группового способа обучения

Таблица 9

«Интернет».

**Сведения об обеспеченности специализированными аудиториями, ка-
бинетами, лабораториями**

Наименование специальных помещений и помещений для самостоятельной работы (№ учебного корпуса, № аудитории)	Оснащенность специальных помещений и помещений для самостоятельной работы**
1 Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, Читальные залы библиотеки	Столы, стулья, учебная литература
Общежитие №5 Комната для самоподготовки	Столы, стулья

Программу разработал (и):
Лисовская Д.Д., ассистент

Монахос С.Г., д.с.-х.н., профессор

РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины «Биоинформатика в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 35.04.05 Садоводство, направленность «Биотехнология и селекция растений» (квалификация выпускника – магистр).

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 «Биоинформатика в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 35.04.05 Садоводство, направленность «Биотехнология и селекция растений» (магистратура) 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 «Биоинформатика в селекции растений» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС ВО по направлению 35.04.05 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 35.04.05 Садоводство.

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Биоинформатика в селекции растений» закреплена **2 компетенции**. Дисциплина «Биоинформатика в селекции растений» и представленная Программа способна реализовать их в объявленных 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 «Биоинформатика 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 «Биоинформатика в селекции растений» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 35.04.05 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 «Биоинформатика 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 35.04.05 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 35.04.05 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 35.04.05 Садоводство.

13. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины «Биоинформатика 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 «Биоинформатика в селекции растений».

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Биоинформатика в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 35.04.05 Садоводство, направленность «Биотехнология и селекция растений» (квалификация выпускника – магистр), 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

(подпись)

«20» августа 2024 г.