

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о документе:

ФИО: Акчуринов Сергей Владимирович

Должность: Заместитель директора института зоотехнии и биологии

Дата подписания: 16.02.2026 11:27:19

Уникальный программный ключ:

7abcc100773ae7c9cceb4a7a083ff3fbbf160d2a



**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 молекулярной селекции, клеточных технологий и семеноводства

УТВЕРЖДАЮ:

И.о. директора института зоотехнии и биологии

Акчуринов С.В.

“29” августа 2025 г.



**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**  
**Б1.В.05.01 Генерация и анализ омиксных данных**

для подготовки магистров

ФГОС ВО

Направление 06.04.01 Биология

Направленность (программа) «Биоинформатика»

Курс: 1

Семестр: 2

Форма обучения: очная

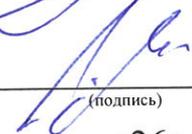
Год начала подготовки: 2025

Москва, 2025

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

  
«26» августа 2025 г.

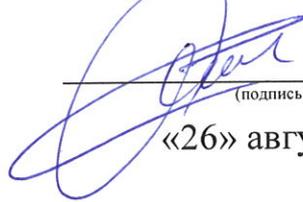
Рецензент: Монахос Г.Ф., к.с.-х.н., ст.н.с.  
(ФИО, ученая степень, ученое звание)

  
(подпись)  
«26» августа 2025 г.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО, по направлению подготовки 06.04.01 Биология и учебного плана.

Рабочая программа обсуждена на заседании кафедры молекулярной селекции, клеточных технологий и семеноводства, протокол № 11 от «26» августа 2025 г.

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

  
(подпись)  
«26» августа 2025 г.

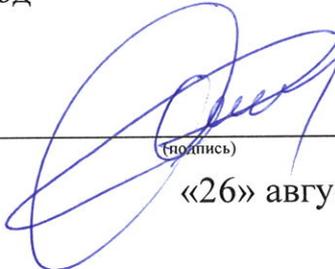
**Согласовано:**

Председатель учебно-методической комиссии института  
садоводства и ландшафтной архитектуры  
Маланкина Е.Л., д.с.-х.н., профессор  
(ФИО, ученая степень, ученое звание)

  
(подпись)  
«27» августа 2025 г.

Заведующий выпускающей кафедрой молекулярной селекции, клеточных технологий и семеноводства

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

  
(подпись)  
«26» августа 2025 г.

Зав. Отделом комплектования ЦНБ

  
(подпись)

## СОДЕРЖАНИЕ

<b>1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ.....</b>	<b>4</b>
<b>2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ .....</b>	<b>4</b>
<b>3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ «ГЕНЕРАЦИЯ И АНАЛИЗ ОМИКСНЫХ ДАННЫХ», СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ .....</b>	<b>5</b>
<b>4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ .....</b>	<b>5</b>
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЁМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ .....	5
ПО СЕМЕСТРАМ .....	5
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	14
4.3 ПРАКТИЧЕСКИЕ ЗАНЯТИЯ.....	16
<b>5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ .....</b>	<b>18</b>
<b>6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ .....</b>	<b>18</b>
6.1. ТИПОВЫЕ КОНТРОЛЬНЫЕ ЗАДАНИЯ ИЛИ ИНЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НЕОБХОДИМЫЕ ДЛЯ ОЦЕНКИ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ И НАВЫКОВ И (ИЛИ) ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ .....	18
<b>7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....</b>	<b>22</b>
7.1 ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА .....	22
7.2 ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА.....	22
<b>8. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ).....</b>	<b>22</b>
<b>9. ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ СИСТЕМ.....</b>	<b>23</b>
<b>10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....</b>	<b>24</b>
<b>11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ СТУДЕНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ.....</b>	<b>24</b>
Виды и формы отработки пропущенных занятий .....	24
<b>12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....</b>	<b>24</b>

**АННОТАЦИЯ**  
**рабочей программы учебной дисциплины**  
**Б1.В.05.01 «Генерация и анализ омиксных данных»**  
для подготовки магистра по направлению 06.04.01 Биология  
направленности «Биоинформатика»

**Цель освоения дисциплины:** овладеть навыками и знаниями для эффективной генерации, обработки и анализа омиксных данных (таких как геномные, протеомные, транскриптомные данные и другие), а также понимать методы и инструменты, используемые в этой области. Основная цель заключается в формировании компетенций, необходимых для определения генетических факторов, связанных с различными биологическими процессами, а также в извлечении практически полезной информации из омиксных данных для биологических исследований и селекционного процесса.

**Место дисциплины в учебном плане:** дисциплина включена в часть, формируемую участниками образовательных отношений, учебного плана по направлению подготовки 06.04.01 Биология

**Требования к результатам освоения дисциплины:** в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: УК-6 (УК-6.1; УК-6.2; УК-6.3); ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4 (ПКос-2.1; ПКос-2.2; ПКос-2.3; ПКос-3.1; ПКос-3.2; ПКос-3.3; ПКос-4.1; ПКос-4.2; ПКос-4.3); ПКдпо-1.1; ПКдпо-2.1; ПКдпо-2.2; ПКдпо-2.3

**Краткое содержание дисциплины:** Дисциплина "Генерация и анализ омиксных данных" фокусируется на изучении методов и инструментов для сбора, анализа и интерпретации омиксных данных, таких как геномика, протеомика, метаболомика и транскриптомика. Студенты овладеют практическими навыками работы с биологическими данными, а также статистическими методами и инструментами машинного обучения для извлечения полезной информации из омиксных данных. Курс также включает в себя изучение современных технологий и платформ, таких как Next Generation Sequencing (NGS), и биоинформатику, необходимую для обработки и интерпретации полученных данных.

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

**Промежуточный контроль:** зачет

### 1. Цель освоения дисциплины

Цель освоения дисциплины "Генерация и анализ омиксных данных" состоит в том, чтобы овладеть навыками и знаниями для эффективной генерации, обработки и анализа омиксных данных (таких как геномные, протеомные, транскриптомные данные и другие), а также понимать методы и инструменты, используемые в этой области. Основная цель заключается в формировании компетенций, необходимых для определения генетических факторов, связанных с различными биологическими процессами, а также в извлечении практически полезной информации из омиксных данных для биологических исследований и селекционного процесса.

## **2. Место дисциплины в учебном процессе**

Дисциплина «Генерация и анализ омиксных данных» включена в часть профессионального цикла, формируемую участниками образовательных отношений. Реализация в дисциплине «Генерация и анализ омиксных данных» требований ФГОС ВО, ОПОП и Учебного плана по направлению 06.04.01 Биология для подготовки магистров направленности «Биоинформатика».

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина «Генерация и анализ омиксных данных», являются «Популяционная генетика», «Структурная и сравнительная геномика», «Молекулярная биология», «Математические основы машинного обучения».

Дисциплина «Генерация и анализ омиксных данных» 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 «Генерация и анализ омиксных данных» 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 «Генерация и анализ омиксных данных», 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 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.	УК-6	Способен определять и реализовывать приоритеты собственной деятельности и способы ее совершенствования на основе самооценки	УК-6.1 принципы планирования профессиональной траектории с учетом особенностей как профессиональной, так и других видов деятельности и требований рынка труда	основные алгоритмы и подходы к анализу данных	анализировать корректность анализа данных	навыками по работе с данными, полученными с помощью постгеномных технологий
			УК-6.2 самостоятельно выявлять мотивы и стимулы для саморазвития, определяя реалистичные цели профессионального роста	основные алгоритмы и подходы к анализу данных геномных экспериментов	составлять схему анализа данных для биологических экспериментов	методами получения и анализа экспериментальных данных
			УК-6.3 владеть навыками действий в условиях неопределенности с корректировкой планов по их реализации с	подходы к определению достоверности результатов экспериментов	интерпретировать подходы и результаты полученные в современных работах по молекулярной биологии	навыками самостоятельной работы с литературой для поиска информации об отдельных определениях, понятиях и терминах

			учетом имеющихся ресурсов			
2.	ПКос-2	Способен обрабатывать и критически оценивать результаты научно-исследовательских работ, обобщать полученные экспериментальные данные с использованием современных цифровых средств и технологий	ПКос-2.1 правила и методики анализа результатов научных исследований, специализированное программное обеспечение, способы обработки полученных эмпирических данных и их интерпретации	алгоритм поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование точечных мутаций	использовать алгоритм поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование точечных мутаций	навыками поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование точечных мутаций
			ПКос-2.2 анализировать получаемую полевую и лабораторную биологическую информацию с использованием современной вычислительной техники; систематизировать экспериментальные данные; обобщать полученные результаты в контексте ранее накоплен-	основные типы картирующих популяций, методы их создания, использования для создания генетической карты	использовать основные типы картирующих популяций, методы их создания, использования для создания генетической карты	навыками использования данных молекулярного генотипирования для создания генетической карты

			<p>ных в науке знаний; получать новые достоверные факты на основе наблюдений, опытов, научного анализа эмпирических данных; представлять результаты научных исследований; нести ответственность за качество выполняемых работ</p>			
			<p>ПКос-2.3 навыками подготовки научных публикаций, отчетов, обзоров, патентов и докладов; участия в организации и проведении научных семинаров и конференций; статистическими методами сравнения полученных экспериментальных данных и опреде-</p>	<p>основные ресурсы информационно-телекоммуникационной сети Интернет, информационно-справочные системы для поиска научной биологической информации</p>	<p>пользоваться зарубежными и отечественными информационными базами данных при составлении рефератов, обзоров, для поиска научной литературы в учебной и профессиональной деятельности</p>	<p>навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам</p>

			ления закономерностей; способностью формулировать выводы и практические рекомендации на основе репрезентативных и оригинальных результатов исследований			
3.	ПКос-3	Способен самостоятельно в качестве руководителя или члена коллектива организовывать и управлять производственной и научно-исследовательской деятельностью в избранной и смежных предметных областях	ПКос-3.1 научно-методические основы и методы биоинформатики для решения производственных и научно-исследовательских задач в области растениеводства и животноводства	основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики; объекты изучения биоинформатики: последовательности нуклеиновых кислот и аминокислот	находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе лабораторных экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных методов их достижения;	правилами расчетов оптимальных параметров проведения анализа, систематизации и интерпретации данных биологических объектов, и их корректирования
			ПКос-3.2 проводить производственно-технологическую деятельность в области биоинформатики и смежных дисциплин, самостоятельно использовать современные	методы исследования биологических последовательностей растений, их описания, предсказания структуры и функций белков;	подбирать необходимые и оптимальные условия проведения научного анализа в зависимости от специфики поставленной задачи с применением методов биоинформатики	основными методами, способами и средствами получения, хранения, анализа и систематизации информации применительно к биологическим объектам

			технологии для решения задач профессиональной деятельности			
			ПКос-3.3 современные технологии в области биоинформатики и геномики, применяемые при решении теоретических и практических задач в селекции растений и животных	особенности, возможности и ограничения специализированных баз данных и специфику работы с ними	работать со специализированными серверами и различными базами данных	навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам
4.	ПКос-4	Способен профессионально работать с исследовательским и испытательным оборудованием (приборами и установками, специализированными пакетами прикладных программ) в избранной предметной области	ПКос-4.1 специфика полевых и лабораторных работ в соответствии с избранной предметной областью, принципы работы используемого оборудования (специализированных пакетов прикладных программ)	технические и программные средства реализации биоинформатических методов анализа	использовать стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики	методами проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей
			ПКос-4.2 проводить эксперименты с использованием	базовые основы и современные направления развития биотех-	пользоваться современными инструментами и подходами при	навыками анализа и способностью выбора методов и средств для решения

			исследовательского оборудования (пакетов прикладных программ)	нологических и селекции, геномной инженерии, молекулярного моделирования, а также их практическое использование	молекулярной диагностике, применять полученные знания на практике, критически анализировать полученную информацию и представлять результаты исследований	прикладных задач селекции и биотехнологии, геномной инженерии, молекулярного моделирования
			ПКос-4.3 способность оценивать точность полученных экспериментальных (численных) результатов	основные ресурсы информационно-телекоммуникационной сети Интернет, информационно-справочные системы для поиска научной биологической информации	пользоваться зарубежными и отечественными информационными базами данных при составлении рефератов, обзоров, для поиска научной литературы в учебной и профессиональной деятельности	навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам
5	ПКдпо-1	Способен планировать и осуществлять организацию аналитических работ с использованием технологий больших данных	ПКдпо-1.1 Знать: Содержание и последовательность выполнения этапов аналитического проекта по исследованию больших данных	полный жизненный цикл аналитического проекта: от постановки биологической задачи и планирования эксперимента до интерпретации и отчетности. Понимание специфики омиксных данных и принципов работы с ними на каждом этапе.	применять последовательность на практике: формулировать задачи, выбирать методы анализа, проводить контроль качества, статистическую обработку и биологическую интерпретацию полученных результатов	практическими навыками: инструментами для обработки данных (R, Python, специализированные пакеты), методами визуализации и создания воспроизводимых отчетов для завершения полного проекта

6	ПКДпо-2	Способен подготавливать данные для проведения аналитических работ по исследованию больших данных	<p>ПКДпо-2.1 Знать: Теоретические и прикладные основы анализа больших данных</p>	<p>ключевые концепции анализа больших данных: математическую статистику, линейную алгебру, основы машинного обучения и специфику многомерных омиксных данных</p>	<p>применять эти теории для решения биологических задач: строить и валидировать модели, проводить статистический анализ, интерпретировать результаты и выявлять закономерности в данных</p>	<p>современными методами и инструментами: языками программирования (R/Python), пакетами для биоинформатики, облачными платформами и методами визуализации сложных данных</p>
			<p>ПКДпо-2.2 Уметь: Производить очистку данных для проведения аналитических работ</p>	<p>принципы, источники шума и артефакты в омиксных данных. Понимать методы фильтрации, нормализации и коррекции систематических ошибок для разных типов данных</p>	<p>оценивать качество данных, выбирать и применять корректные методы очистки. Это включает работу с пропущенными значениями и устранение batch-эффектов</p>	<p>инструментами для очистки: пакетами R/Bioconductor или Python. Уметь создавать воспроизводимые скрипты для всего пайплайна пре-добработки</p>
			<p>ПКДпо-2.3 Владеть: Методами получения и фильтрации больших объемов данных из гетерогенных источников</p>	<p>основные типы омиксных данных (геномные, транскриптомные и др.), их источники (базы данных, репозитории, приборы) и форматы хранения (FASTQ, BAM, mzML). Важно понимать принципы организации и метаданных</p>	<p>проектировать запросы к базам данных (NCBI, EBI, ProteomeXchange), скачивать и консолидировать данные из разных источников. Также — применять методы контроля качества и первичной</p>	<p>инструментами для извлечения данных (SRA Toolkit, APIs), языками для скриптинга (Bash, Python) и методами очистки наборов данных от шума и артефактов, объединяя гетерогенные данные для анализа</p>

					филтрации для отбора релевантной информации	
--	--	--	--	--	---	--

Таблица 2

## Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Вид учебной работы	Трудоёмкость
	час.
<b>Общая трудоёмкость</b> дисциплины по учебному плану	<b>108</b>
<b>1. Контактная работа:</b>	<b>60,25/4</b>
<b>Аудиторная работа</b>	<b>38/4</b>
<i>в том числе:</i>	
<i>лекции (Л)</i>	24
<i>практические занятия (ПЗ)</i>	36/4
<i>консультации перед экзаменом</i>	4
<i>контактная работа на промежуточном контроле (КРА)</i>	0,25
<b>2. Самостоятельная работа (СРС)</b>	<b>47,75</b>
<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>	27
<i>Подготовка к экзамену (контроль)</i>	20,75
Вид промежуточного контроля:	Зачет

## 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	ПКР	
<b>Раздел 1 Генерация и анализ омиксных данных</b>	108	24	36/4	4,25	47,75
Тема 1. Введение в омиксные данные	14	4	6	-	4
Тема 2. Типы омиксных данных	17	5	8	-	4
Тема 3. Биоинформатика в анализе омиксных данных	17	5	10/4	-	4
Тема 4. Применение омиксных данных в исследованиях	7	5	6	-	4
Тема 5. Применение омиксных данных в селекции растений	15	5	6	-	4
Консультация перед экзаменом	4	-	-	4	-
Контактная работа на промежуточном контроле (КРА)	0,25	-	-	0,25	-
Подготовка к экзамену	20,75	-	-	-	20,75
<b>Итого по дисциплине</b>	<b>108</b>	<b>24</b>	<b>36/4</b>	<b>4,25</b>	<b>47,75</b>

## **Раздел 1 Генерация и анализ омиксных данных**

### **Тема 1. Введение в омиксные данные**

Основные понятия и принципы омиксных данных. Роль омиксных данных в биологических и медицинских исследованиях. Технологии генерации омиксных данных. Обзор основных технологий, применяемых для получения омиксных данных (секвенирование ДНК, секвенирование РНК, масс-спектрометрия).

### **Тема 2. Типы омиксных данных**

Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом. Методы секвенирования генома и транскриптома. Геномные данные. Виды анализа геномных данных (сравнительный геномный анализ, идентификация генов и мутаций). Транскриптомные данные. Виды анализа транскриптомных данных (сравнительный анализ выражения генов, определение функциональных путей). Протеомные данные. Виды анализа протеомных данных (идентификация и количественное измерение белков, сравнение протеомов). Базовые понятия и методы статистики в анализе омиксных данных.

### **Тема 3. Биоинформатика в анализе омиксных данных**

Основные задачи биоинформатики в анализе омиксных данных. Инструменты и методы обработки и анализа омиксных данных. Статистический анализ омиксных данных. 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 4. Применение омиксных данных в исследованиях.**

Геномные биомаркеры в диагностике и прогнозировании заболеваний. Идентификация генов и белков-мишеней для разработки лекарственных препаратов. Установление механизмов действия лекарственных препаратов и других биологических веществ. Персонализированная медицина на основе омиксных данных.

### **Тема 5. Применение омиксных данных в селекции растений**

Использование омиксных данных для идентификации генетических маркеров и QTL-анализа. Прогнозирование фенотипических характеристик на основе омиксных данных. Оптимизация селекционных процессов на основе омиксных данных.

### 4.3 Практические занятия

Таблица 4

#### Содержание практических занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
	<b>Раздел 1. Генерация и анализ омиксных данных</b>		УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос контрольная работа 1,2	<b>60/4</b>
1	Тема 1. Введение в омиксные данные	Лекционное занятие №1. Введение в омиксные данные	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4		4
		Практическое занятие №1. Основные понятия и принципы омиксных данных.	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
		Практическое занятие №2. Технологии генерации омиксных данных.	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	4
2	Тема 2. Типы омиксных данных	Лекционное занятие №2. Типы омиксных данных	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4		5
		Практическое занятие №3. Типы омиксных данных.	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	6
		Рубежная контрольная работа по темам 1, 2	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	контрольная работа 1	2
3	Тема 3. Биоинформатика в анализе омиксных данных	Лекционное занятие №3. Биоинформатика в анализе омиксных данных	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4		5/4
		Практическое занятие №4. Основные задачи биоинформатики в анализе омиксных данных	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	4
		Практическое занятие №5. Биоинформатический анализ омиксных данных.	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4		6
4	Тема 4. Применение омиксных	Лекционное занятие №4. Применение омиксных данных в исследованиях	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4		4

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
	данных в исследованиях	Практическое занятие №6 Применение омиксных данных в исследованиях	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	6
5	Тема 5. Применение омиксных данных в селекции растений	Лекционное занятие №5. Применение омиксных данных в селекции растений	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4		4
		Практическое занятие №7. Применение омиксных данных в селекции растений	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	4
		Рубежная контрольная работа по темам 3, 4, 5	УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4	контрольная работа 2	2

Таблица 5

**Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины**

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
<b>Раздел 1. Генерация и анализ омиксных данных</b>		
1.	Тема 1. Введение в омиксные данные	Основные понятия и принципы омиксных данных. Роль омиксных данных в биологических и медицинских исследованиях. Технологии генерации омиксных данных. Обзор основных технологий, применяемых для получения омиксных данных (секвенирование ДНК, секвенирование РНК, масс-спектрометрия). УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4
2.	Тема 2. Типы омиксных данных	Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом. Методы секвенирования генома и транскриптома. Геномные данные. Виды анализа геномных данных (сравнительный геномный анализ, идентификация генов и мутаций). Транскриптомные данные. Виды анализа транскриптомных данных (сравнительный анализ выражения генов, определение функциональных путей). Протеомные данные. Виды анализа протеомных данных (идентификация и количественное измерение белков, сравнение протеомов). Базовые понятия и методы статистики в анализе омиксных данных. УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4
3.	Тема 3. Биоинформатика в анализе омиксных данных	Основные задачи биоинформатики в анализе омиксных данных. Инструменты и методы обработки и анализа омиксных данных. Статистический анализ омиксных данных. 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

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
		маркеров с помощью последовательности ДНК и РНК. УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4
4.	Тема 4. Применение омиксных данных в исследованиях	Геномные биомаркеры в диагностике и прогнозировании заболеваний. Идентификация генов и белков-мишеней для разработки лекарственных препаратов. Установление механизмов действия лекарственных препаратов и других биологических веществ. Персонализированная медицина на основе омиксных данных. УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-4
5.	Тема 5. Применение омиксных данных в селекции растений	Использование омиксных данных для идентификации генетических маркеров и QTL-анализа. Прогнозирование фенотипических характеристик на основе омиксных данных. Оптимизация селекционных процессов на основе омиксных данных. УК-6, ПКос-2, ПКос-3, ПКос-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 (форм обучения)
1.	Тема 3. Биоинформатика в анализе омиксных данных	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
2.	Тема 4. Применение омиксных данных в исследованиях	ПЗ	Круглый стол
3.	Тема 5. Применение омиксных данных 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

1. Секвенирование нуклеиновых кислот первого, второго и третьего поколения

2. Определение понятий ДНК, РНК
3. Приготовление библиотек для NGS
4. Оценка качества первичных данных NGS
5. Однонуклеотидные полиморфизмы
6. Общие принципы планирования омикс-экспериментов
7. Рандомизация и повторности в омикс-экспериментах
8. Секвенирование отдельных клеток
9. Метагеномика. Филогеномика. Основные задачи и подходы
10. Эпигеномика. Основные задачи и подходы
11. Транскриптомика. Основные задачи и подходы
12. Протеомика. Основные задачи и подходы
13. Метаболомика. Основные задачи и подходы
14. Классификация биоинформатических баз данных и их функции
15. Формат FASTA
16. Парное выравнивание последовательностей
17. Гомологи, ортологи, паралоги
18. Глобальное и локальное выравнивание
19. Основные этапы локального парного выравнивания последовательностей белков
20. Множественное выравнивание последовательностей
21. Анализ экспрессии генов с помощью микрочипов.
22. Базы данных биологических путей
23. Мотивы белков
24. Сборка генома и транскриптома
25. Аннотация генома, транскриптома, протеома

### **Контрольная работа №1**

#### **Вариант 1**

1. Определение понятий ДНК, РНК
3. Методы анализа транскриптома.
4. Типы эпигенетических механизмов регуляции.

#### **Вариант 2**

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

1. Парное выравнивание.
2. Метод скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.
3. Методы секвенирования транскриптома.
4. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов.

### Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (зачет)

1. Определение понятий ДНК, РНК.
2. Определение понятий ген, геном, транскриптом.
3. Роль биоинформатики в селекционной работе.
4. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.
5. Различные типы геномов растений.
6. Методы исследования генома растений.
7. Транскрипция. Методы анализа транскриптома.
8. Эпигенетическая регуляция генома растений.
9. Типы эпигенетических механизмов регуляции.
10. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.
11. Форматы представления данных.
12. Выравнивания последовательностей.
13. Цели и типы выравниваний.
14. Парное выравнивание.
15. Принципы выравнивания последовательностей.
16. Понятие гомологии.
17. Ортологи и паралоги.
18. Расчёт оценки выравнивания (Score).
19. Сходство последовательностей.
20. Матрицы замен.
21. Глобальное и локальное выравнивание.
22. Оптимизация выравнивания.
23. Методы секвенирования ДНК.
24. Методы секвенирования РНК.
25. NGS: технологии секвенирования, виды.
26. Секвенирование 3го поколения.
27. Современные принципы работы с целым геномом.
28. Инструменты для сборки и работы с геномом.
29. Микрочипы.
30. Анализ профилей экспрессии генов.
31. Технология RNASeq.
32. Технология ChiP-Seq.
33. Анализ качества результатов секвенирования.
34. Сборка генома.
35. Картирование генома.

36. Предварительная обработка и нормализация данных.
37. Функциональное аннотирование генома.
38. Функциональное аннотирование транскриптома.
39. Сравнительный анализ генома.
40. Сравнительный анализ транскриптома.
41. Идентификация организмов с помощью последовательности ДНК и РНК.
42. Расшифровка генетических маркеров.

## 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 средства	Баллы			
Устный опрос	0	2	4	5
Контрольная работа	0-4	5-6	7-8	9-10
Экзамен	0-8	9-13	14-17	18-20
<b>Оценка</b>	<b>Неуд.</b>	<b>Удовл.</b>	<b>Хорошо</b>	<b>Отлично</b>
Посещение лекций и практических занятий				
Посещаемость	≤85%	86-88%	89-91%	92-100%
Баллы	0	10	20	30

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 ( $R_{\text{факт.сем}} > 50\%R_{\text{норм семестр}}$ ), 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)	Оценка по традиционной шкале
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. Худякова, Е. В. ЦИФРОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В АПК: учебник / Е. В. Худякова, М. Н. Степанцевич, М. И. Горбачев; рец.: Е. В. Попова, В. И. Меденников; Российский государственный аграрный университет - МСХА имени К. А. Тимирязева, Москва, 2022. — 220 с. — [http://elib.timacad.ru/dl/full/s10012024TsT\\_v\\_APK.pdf](http://elib.timacad.ru/dl/full/s10012024TsT_v_APK.pdf).

### 3. 7.2 Дополнительная литература

1. 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>
2. Котиков, П. Е. Анализ данных : учебно-методическое пособие / П. Е. Котиков. — Санкт-Петербург : СПбГПМУ, 2019. — 48 с. — ISBN 978-5-907184-46-6. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/174498>
3. Кузьмин, В. И. Методы анализа данных : учебное пособие / В. И. Кузьмин, А. Ф. Гадзаов. — 2-е изд., перераб. и доп. — Москва : РТУ МИРЭА, 2020. — 155 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/171433>
4. Пыльнев, В. В. Основы селекции и семеноводства / В. В. Пыльнев, А. Н. Березкин ; Под ред.: Пыльнев 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>
5. Общая селекция растений / Ю. Б. Коновалов, В. В. Пыльнев, Т. И. Хулацария, 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/282386>

## 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.pubmed.com>)
5. DNA Data Bank of Japan - <https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>
6. SWISS-PROT, UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt - <http://beta.uniprot.org> (открытый доступ) (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. Базы данных Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервере ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарского Института Геномики и протеомики SIB - <http://www.expasy.org/sprot> (открытый доступ)
9. База данных CATH Protein Structure Classification - <http://www.cathdb.info/>
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 вэб-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 НИИ, США – <http://cmm.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	Год 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, кабинетами, лабораториями

Наименование специальных* помещений и помещений для самостоятельной работы (№ учебного корпуса, № аудитории)	Оснащенность 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 Комната для самоподготовки	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, представлять на 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

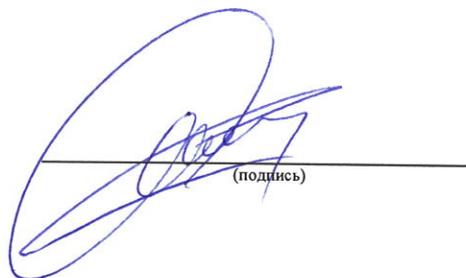
Педагог, проводящий занятия, должен обладать высокой квалификацией и опытом. Необходимо разбираться в нюансах работы, чтобы при необходимости была возможность исправить ошибку студента. Для успешного освоения предмета необходимо периодически организовывать обсуждения и дискуссии по темам дисциплины.

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 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.

**Программу разработал:**

Монахос С.Г., д.с.-х.н., профессор



(подпись)

## РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины «Генерация и анализ омиксных данных» ОПОП ВО по направлению 06.04.01 Биология, направленность «Биоинформатика» (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 «Генерация и анализ омиксных данных» ОПОП ВО по направлению 06.04.01 Биология, направленность «Биоинформатика» (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 «Генерация и анализ омиксных данных» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС ВО по направлению 06.04.01 Биология. 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 06.04.01 Биология.

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Генерация и анализ омиксных данных» закреплена **6 компетенций**. Дисциплина «Генерация и анализ омиксных данных» 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 «Генерация и анализ омиксных данных» составляет **3 зачётных единицы (108 часов)**.

6. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Дисциплина «Генерация и анализ омиксных данных» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 06.04.01 Биология 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 «Генерация и анализ омиксных данных» предполагает **16 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 06.04.01 Биология.

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 **зачета**, что соответствует статусу дисциплины, как дисциплины учебного цикла – Б1 ФГОС ВО направления 06.04.01 Биология.

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 06.04.01 Биология.

13. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины «Генерация и анализ омиксных данных» 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 «Генерация и анализ омиксных данных».

#### **ОБЩИЕ ВЫВОДЫ**

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Генерация и анализ омиксных данных» ОПОП ВО по направлению 06.04.01 Биология, направленность «Биоинформатика» (квалификация выпускника – магистр), разработанная 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  
«26» августа 2025 г.

