Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Макаров Сергей Сергеевич
Должность: и.о. директора института садоводства и ландшафтной архитектуры
Дата подписания: 10.02.2025 10:50:44
Уникальный программный ключ:
75bfa38f9af1852dda82cd3ecd1bfa3eefe320d6

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
С.С. Макаров _____
«30» августа 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Б1.В.05 Геномика растений

для подготовки магистров

ФГОС ВО

Направление: 35.04.05 - Садоводство

Направленность: Биотехнология и селекция растений

Курс 1
Семестр 2

Форма обучения очная

Год начала подготовки 2024

Москва, 2024

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

Л.И. Хрусталева Л.И. д.б.н., профессор _____
(ФИО, ученая степень, ученое звание) "29" августа 2024 г.

Рецензент: Терехова В.И.., к.с.-х.н. _____
(ФИО, ученая степень, ученое звание) (подпись)

"29" августа 2024 г.

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

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) (подпись)

"29" августа 2024 г.

Согласовано:

Председатель учебно-методической комиссии института
садоводства и ландшафтной архитектуры
Маланкина Е.Л., д.б.н. _____

(ФИО, ученая степень, ученое звание) (подпись)

"29" августа 2024 г.

Заведующий выпускающей кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, С.Г. Монахос, д.с.-х.н., профессор _____
(ФИО, ученая степень, ученое звание) (подпись)

"29" августа 2024 г.

Заведующий отделом комплектования ЦНБ _____ Сидорова Н.Н.
(подпись) (подпись)

СОДЕРЖАНИЕ

АННОТАЦИЯ **4**

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ **5**

2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ **5**

3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ, СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ **6**

4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ **6**

4.1 Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ 6
по семестрам 6
4.2 Содержание дисциплины 9
4.3 Практические занятия 13

5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ **16**

6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ **17**

6.1. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений и навыков и (или) опыта деятельности 17
6.2. Описание показателей и критериев контроля успеваемости, описание шкал оценивания 21

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ **22**

7.1 Основная литература 22
9 Методические указания, рекомендации и другие материалы к занятиям 23

10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ **23**

10. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ОБУЧАЮЩИМСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ . **24**

12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ **24**

АННОТАЦИЯ

рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.05 «Геномика растений»
для подготовки магистра по направлению 35.04.05 «Садоводство»
направленности «Биотехнология и селекция растений»

Цель освоения дисциплины: Получение экспертных знаний в таких областях, как геномика, технологиях геномного анализа и геномное редактирование, и применение полученных фундаментальных знаний и технических лабораторных навыков для эффективной и ускоренной селекции садовых культур путем использования современных геномных методов. В соответствии с целью дисциплины и запросом АПК, студенты должны освоить фундаментальные основы современной геномики, включающие: структуру геномов, организацию генов и некодирующей ДНК в геноме, мобильные элементы, размеры геномов, особенности геномов растений, методы анализа геномов, принципы подготовки растительного материала для секвенирования и обработки результатов секвенирования с использованием программ FASTQC, pycoQC и multiQC, и фильтрация данных с использованием программы Trimmomatic, а также уметь работать с геномами путем внесения целенаправленных изменений с использованием геномного редактирования.

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 профессиональные ПКос-1 (ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-1.4); ПКос-2 (ПКос-2.1; ПКос-2.2; ПКос-2.3; ПКос-2.4).

Краткое содержание дисциплины: В соответствии с целью дисциплина включает два раздела: Раздел 1. Фундаментальные основы современной геномики и практическое применение в селекции; Раздел 2. Геномное редактирование.

Раздел 1 включает: Роль геномики в эффективной и ускоренной селекции. Отличие геномики от генетики. История возникновения нового направления в науке. Полностью секвенированные и собранные геномы растений на хромосомном уровне. Успехи в технологиях секвенирования. Секвенирование нового поколения (NGS). Валидация секвенированных геномов. Базы данных секвенирования. Транскриптом. RNA-Seq. Маркеры на основе михондриальной и хлоропластной ДНК для определения типа ЦМС. Маркирование генов, вовлеченных в ЦМС с использованием с высокоразрешающего плавления ДНК: HRM-маркеры для определения типа цитоплазмы. Геномная организация генов и некодирующей ДНК. Методы анализа геномов. Геномная селекция растений. Использование высоконасыщенного генотипирования полиморфизмов одиночных фрагментов (SNP) для прогнозирования селекционной ценности.

Раздел 2 включает: «Инструменты» геномного редактирования. Генно-инженерные системы: ДНК-узнавания белок + Fok1. Цинковых пальцев нук-

леазы (ZFNs). TALENs нуклеазы. Механизм геномного редактирования с помощью CRISPR/Cas9. Варианты редактирования гена: выключение, вырезание гена, измененение гена, добавление гена. Способы доставки системы CRISPR/Cas9 в растительную клетку. Методы анализа событий редактирования. Использование обширных данных, полученных в ходе геномных и транскриптомных проектов. Методы функциональной геномики. Инструменты для выключения генов: iRNA и CRISPR/Cas. Области применения: изучение роли генетической изменчивости в формировании изменчивости транскриптома в тканях; базы данных влияния всех возможных генетических вариантов на функциональную геномику, связанную с сельскохозяйственно значимыми признаками.

Общая трудоемкость дисциплины: Общая трудоёмкость дисциплины составляет 5 зач.ед. (180 часов), их распределение по видам работ семестрам представлено в таблице 2.

Промежуточный контроль: экзамен

1. Цель освоения дисциплины

Целью освоения дисциплины является получение теоретических знаний и практических навыков в области геномики растений. Знакомство с методами и технологиями геномики и геномного редактирования и их применением для решения актуальных задач селекции.

2. Место дисциплины в учебном процессе

Дисциплина «Геномика растений» включена в часть профессионального цикла, формируемую участниками образовательных отношений (Б1.В.05). Реализация в дисциплине «Геномика растений» требований ФГОС ВО, ОПОП и Учебного плана по направлению 35.04.05 «Садоводство» для подготовки магистров направленности «Биотехнология и селекция растений».

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина «Геномика растений», являются «Основы молекулярной генетики и цитогенетики», «Методы молекулярной биологии в селекции», «Биоинформатика», «Генетические основы селекции овощных культур», «Генетические основы селекции плодовых и декоративных культур», «Селекция и сортоведение плодовых и декоративных культур».

Дисциплина «Геномика растений» является основополагающей для изучения следующих дисциплин: «Тенденции в развитии технологий селекции и семеноводства».

Особенностью дисциплины является представление об основных методах и подходах геномики; получение навыков работы с ключевыми биоинформатическими базами данных нуклеиновых кислот, методами анализа генома и геномным редактированием.

3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, 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 5 зач.ед. (180 часов) в том числе 4 часа практической подготовки, 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 проводить полевые и лабораторные опыты с использованием традиционных и современных методов	ПКос-1.1 Проводит поиск и анализ данных (в том числе с использованием методов геномики), научной литературы для достижения поставленной цели научного исследования	ключевые методы и технологии геномики	использовать ключевые методы и технологии геномики	навыками работы с ключевыми метододами и технологиями геномики
			ПКос-1.2 Организует закладку полевых и лабораторных опытов в рамках испытания растений и влияния условий на проявление их признаков и свойств	основные методы и подходы геномики при работе с нуклеотидными последовательностями	использовать основные методы и подходы геномики при работе с нуклеотидными последовательностями	навыками использования основных методов и подходов геномики при работе с нуклеотидными последовательностями
			ПКос-1.3 Производит учеты и наблюдения в опытах для испытания растений с оценкой влияния условий на проявление признаков и свойств	алгоритм поиска протеин кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование единичных нуклеотидов полиморфизм (SNPs); анализ транскриптомов, ассоциации полиморфизма генотипов с фенотипическим проявлением	Использовать алгоритм поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование SNPs; подбора праймеров для постановки ПЦР, подготовки библиотек для секвенирования, анализ сиквенсов ДНК	навыками поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения SNPs и их проявление в фенотипе;
			ПКос-1.4 Определяет комплекс традиционных и современных (полевых и лабораторных) методов исследования для решения научных задач	программное обеспечение, современные математические и статистические подходы в молекулярно – биологических исследованиях	использовать программное обеспечение, современные математические и статистические подходы в молекулярно – биологических исследованиях	навыками использования программного обеспечения, современных математических и статистических подходов в молекулярно – биологических

						исследованиях
			Осуществляет информационный поиск по инновационным технологиям (элементам технологий), сортам и гибридам сельскохозяйственных культур	Основные базы данных нуклеиновых кислот и белков, научных статей в сети Интернет	Осуществлять критический анализ опубликованной информации, использовать данные нуклеиновых кислот и продуктов экспрессии генов	Навыками использования поисковых систем, и программного обеспечения для анализа нуклеиновых кислот и белков в сети Интернет
2.	ПКос-2	Способен проводить научно- исследовательские работы в области садоводства в условиях производства	ПКос-2.2 Организует проведение экспериментов (полевых, лабораторных опытов) по оценке эффективности инновационных технологий (элементов технологий), сортов и гибридов в условиях производства	основные типы ДНК-маркеров и технологии молекулярного генотипирования	использовать основные типы ДНК-маркеров и технологии молекулярного генотипирования	навыками использования основных типов ДНК- маркеров и технологии молекулярного генотипирования
			ПКос-2.3 Проводит обработку результатов, полученных в опытах с использованием методов математической статистики и инструментов биоинформатического анализа сиквенсов	основное программное обеспечение и методы математической статистики в геномике и инструменты биоинформатического анализа сиквенсов	использовать основное программное обеспечение и методы математической статистики в геномике	навыками использования основного программного обеспечения методов математической статистики в геномике
			ПКос-2.4 Готовит заключения о целесообразности внедрения в производство исследованных технологий, сортов и гибридов растений на основе анализа опытных данных	основные типы картирующих популяций, методы их создания, использования для создания генетической карты и интегрированные рекомбинационные и физические карты	использовать основные типы картирующих популяций, методы их создания, использования для создания генетической и физической карт	навыками использования данных молекулярного генотипирования для создания генетической карты и методами ДНК *in situ* гибридизации для создания физических карт

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 2

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Вид учебной работы	**Трудоёмкость**
	час. **Всего/ в том числе практическая подготовка**
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	**180/4**
1. Контактная работа:	**62,4/4**
Аудиторная работа	
в том числе:	
лекции (Л)	12
практические занятия (ПЗ)	48/4
консультации перед экзаменом	2
контактная работа на промежуточном контроле (КРА)	0,4
2. Самостоятельная работа (СРС)	**117,6**
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.)	93
Подготовка к экзамену	24,6
Вид промежуточного контроля:	экзамен

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнённо)	**Всего**	**Аудиторная работа**			**Внеаудиторная работа СР**
		Л	**ПЗ/ в том числе практическая подготовка**	**ПКР**	
Раздел 1. Фундаментальные основы современной геномики и практическое применение в селекции	**110**	**10**	**38**	-	62
Тема 1. Геномика – инновационный курс. Практическое применение в селекции	8	2	2	-	4
Тема 2. Загадки генома: старые и новые	14	2	4	-	8
Тема 3. Особенности геномов растений	14	2	4	-	8
Тема 4. Митохондриальная и хлоропластная ДНК	10	-	4	-	6
Тема 5. Геномная организация генов	10	-	4	-	6
Тема 6. Геномная организация некодирующей протеины ДНК: тандемные повторы и мобильная ДНК	12	-	4	-	8
Тема 7. Методы анализа геномов	16	2	6	-	8
Тема 8. Полногеномное секвенирование и проблемы сборки геномов	12	2	4	-	6
Тема 9. Геномная селекция	14	-	6		8
Раздел 2. Геномное редактирование	**43**	**2**	**10**		**31**

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнённо)	Всего	Аудиторная работа			Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/ в том числе практическая подготовка	ПКР	
Тема 10. «Инструменты» геномного редактирования	12	-	2	-	10
Тема 11. Геномное редактирование с помощью CRISPR/Cas	16	2	4	-	10
Тема 12. Функциональная геномика	15	-	4	-	11
Консультация перед экзаменом	2	-	-	2	-
Контактная работа на промежуточном контроле (КРА)	0,4	-	-	0,4	-
Подготовка к экзамену	24,6	-	-	-	24,6
Итого по дисциплине	180	12	48 /4	2,4	117,6

Раздел 1. Фундаментальные основы современной геномики и практическое применение в селекции

Тема 1. Геномика растений – инновационный курс. Практическое применение в селекции.

Геномика – междисциплинарная область биологии, фокусирующяяся на структуре, функции, эволюции, картировании и редактировании геномов. Отличие геномики от генетики. История возникновения нового направления в науке. Полностью секвенированные и собранные геномы растений на хромосомном уровне. Успехи в технологиях секвенирования. Секвенирование нового поколения (NGS). Валидация секвенированных геномов. Секвенирование индивидуальных геномов. Расчёт среднего покрытия секвенирования генома. Стоимость секвенирования. Базы данных секвенирования. Транскриптом. RNA-Seq. Геномная селекция растений. Использование высоконасыщенного генотипирования полиморфизмов одиночных фрагментов (SNP) для прогнозирования селекционной ценности.

Тема 2. Загадки генома: старые и новые

С-значения парадокс. Гипотеза ДНК постоянства. Размер генома не отражает сложность организма. N-значение загадка. Некодирующая ДНК. Фенотипические и функциональные проявления некодирующей ДНК. Состав геномов растений. Эволюция геномов растений. Количество генов и сложность генома. Экспрессия генов эукариот: транскрипция и трансляция. Альтернативный сплайсинг. Альтернативная транскрипция. Мобильные элементы регулируют экспрессию генов.

Тема 3. Особенности геномов растений

Размер геномов растений. Распространенность растений. Особенности физиологии и органогенеза. Структура геномов растений. Трудности сборки геномов растений. Геном растений: ядерный, митохондриальный и хлоропласт-

ный. Дупликация растительного генома. Палеополиплоидия. Мультипликация индивидуальных генов.

Тема 4. Митохондриальная и хлоропластная ДНК

Происхождение, состав и структурное разнообразие геномов органелл. Сложная и динамическая хроматиноподобная структура органелл. Генная инженерия ДНК органелл для улучшения сельскохозяйственных растений. Множественные рекомбинационные события митохондриальных генов. Новые открытые рамки считывания митохондриальных генов. Цитоплазматическая мужская стерильность (ЦМС). Маркеры на основе михондриальной и хлоропластной ДНК для определения типа ЦМС. Маркирование генов, вовлеченных в ЦМС с использованием с высокоразрешающего плавления ДНК: HRM-маркеры для определения типа цитоплазмы.

Тема 5. Геномная организация генов

Протеин-кодирующие гены: единичные и семейства генов. Структура эукариотических генов, кодирующих белки: промотор с сайтом инициации транскрипции, нетранслируемой области 5'-UTR и 3'-UTR, экзоны и интроны, сайт остановки трансляции, сайт сигнала полиаденилирования, сайт остановки трансляции. Механизм дупликации генов. Гены ортологи и паралоги. Гены ксенологи. Псевдогены. Тандемно-повторяющиеся гены: рРНК, тРНК, гистоны; отличие от семейств дуплицированных генов. Организация гистоновых генов. Кинетика ДНК реассоциации. Физическое картирование генов с использованием Tyramide-FISH.

Тема 6. Геномная организация некодирующей протеины ДНК: тандемные повторы и мобильная ДНК

Особенности организации хромосом растений. Сателлитная ДНК. Мини-микросателлиты. Тандемная организация теломерной, центромерной и субтеломерной последовательностей ДНК. Образование неравных рядов тандемных последовательностей. Мобильная ДНК. Транспозиция. Мобильная ДНК и эволюция генома растений. Фенотипические проявления траспозиции: ген *sun* у томатов. Открытие мобильных элементов Барбарой Макклинток. Два основных класса мобильных элементов: Транспозоны, ретротранспозоны и особенности их транспозиции. Нерепликативная транспозиция. Бактериальные транспозоны. Эукариотические транспозоны. Ретротранспозоны вирусные и невирусные. Вирусные транспозоны растений. Эксперименты, доказывающие РНК опосредованную транспозицию вирусных ретротранспозонов. Невирусные ретротраспозоны: LINEs и SINEs. Процессированные псевдогены.

Тема 7. Методы анализа геномов

NGS-методы (секвенирование нового поколения): Illumina/Solexa, PacBio, MinON Oxford Nanopore. Секвенирование по Сэнгеру: принцип, этапы пробподготовки, длина прочтения. Illumina: принцип метода и схема работы от исходной ДНК до буквы нуклеотида на экране. Сборка геномов: риды, контиги, скаффолд. Преимущества и недостатки Illumina. Области применения NGS. Проблемы и артефакты NGS. Нанопóровое секвенúрование. Главные преиму-

щества MinION. Принцип работы. Структура альфа-гемолизина — одного из нанопоровых белков. Типы нанопор: белковые и твердотельные. Недостатки нанопорового секвенирования. PacBio SMRT – секвенирование единичных молекул в реальном времени. Субволновые оптические наноструктуры. Принцип работы.

Тема 8. Полногеномное секвенирование и проблемы сборки геномов

Полностью секвенированные и собранные геномы растений на хромосомном уровне. Длина прочтения с ипользованием Illumina/Solexa, PacBio, MinON Oxford Nanopore. Расчёт среднего покрытия секвенирования генома. Использование насыщенных генетических карт для сборки геномов. Принцип создания генетических карт. Популяции растений для картирования. Конструирование генетичсеких карт. Проблемы сборки с использованием генетических карт. Валидация сборки геномов с использованием молекулярно-цитогенетических методов. Создание интегрированных рекомбинационных и физических карт. Hi-C - метод для сборки генома на хромосомном уровне. Оптическое картирование. De Bruijn графический подход в сборке геномов.

Тема 9. Геномная селекция

Использовании информации о собранных геномах сельскохозяйственных растений и инструментов биоинформатики для выявления взаимосвязи между вариантами геномных локусов и степенью проявления хозяйственно значимых признаков. Высокопроизводительное генотипирование однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) для прогнозирования селекционной ценности. Генотипирование и фенотипирование эталонной (обучающая) популяции. Разработка статистической модели для оценки влияния SNP на фенотипы. Разработка уравнений прогнозирования.

Раздел 2. Геномное редактирование

Тема 10. «Инструменты» геномного редактирования

Генно-инженерные системы: ДНК-узнавания белок + Fok1. Цинковых пальцев нуклеазы (ZFNs). TALENs нуклеазы. Структура доменов Fok1 эндонуклеазы. Принцип редактирования и области применения ZFNs. Структура природного TALE Hax3. TALENs - искусственно созданный рестрикционный фермент. Применение TALENs. Система CRISPR/Cas9. Открытие иммунной системы бактерий. Природный вариант системы CRISPR/Cas9 у *Streptococcus pyogenes.* Функциональная направляющая РНК (sgRNA). Структура sgRNA.

Тема 11. Геномное редактирование с помощью CRISPR/Cas

Механизм геномного редактирования с помощью CRISPR/Cas9. Условия работы CRISPR/Cas: PAM (мотив, расположенный рядом с протоспейсером), транс-активирующая crisprРНК (tracrRNA). Эндогенная репарация ДНК после двухцепочечного разрыва (DSB): негомологичное соединение концов,

гомологически направленная репарация. Варианты редактирования гена: выключение, вырезание гена, измененение гена, добавление гена. Способы доставки системы CRISPR/Cas9 в растительную клетку. Методы анализа событий редактирования.

Тема 12. Функциональная геномика

Функциональная геномика — это широкий подход к прогнозированию функций и взаимодействий генов и их продуктов. Использование обширных данных, полученных в ходе геномных и транскриптомных проектов. Методы функциональной геномики: систематическое попарное удаление генов или подавление экспрессии генов для идентификации генов с родственной функцией; CHIP-, CUT&RAN секвенирование, Calling Cards для определения сайтов взаимодействия ДНК-белок; TAC-seq, DNase-Seq and FAIRE-Seq для определения регионов доступности хроматина – кандидатов регуляторных сайтов, микрочипы для измерения количества мРНК в образце. Инструменты для выключения генов: iRNA и CRISPR/Cas. Области применения: изучение роли генетической изменчивости в формировании изменчивости транскриптома в тканях; базы данных влияния всех возможных генетических вариантов на функциональную геномику, связанную с сельскохозяйственно-значимыми признаками, путем создания карт эффектов вариантов, которые раскрывают функцию каждого возможного изменения одного нуклеотида в гене или регуляторном элементе.

4.3 Практические занятия

Таблица 4

Содержание лекций/лабораторного практикума/практических занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
	Раздел 1 Фундаментальные основы современной геномики и практическое применение в селекции		ПКос-1, ПКос-2	устный опрос, контрольная работа 1	**48/2**
1	Тема 1. Геномика – инновационный курс. Практическое применение в селекции	Лекционное занятие №1. Геномика	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №1. Геномика	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	2

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
2	Тема 2. Загадки генома: старые и новые	Лекционное занятие №2 Размеры геномов и сложность организмов	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №2-3. Гены: транскрипция и трансляция	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
3	Тема 3. Особенности геномов растений	Лекционное занятие №3. Структура геномов секвенированных овощных культур	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №4-5. Частная геномика овощных культур	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
4	Тема 4. Митохондриальная и хлоропластная ДНК	Практическое занятие №6-7 Митохондриальная и хлоропластная ДНК. Молекулярные маркеры на типы ЦМС	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
5	Тема 5. Геномная организация генов	Практическое занятие №8-9. Организация единичных генов и семейств генов	ПКос-1, ПКос-2	Устный опрос	4
6.	Тема 6. Геномная организация некодирующей протеины ДНК: тандемные повторы и мобильная ДНК	Практическое занятие №10-11. Организация в геноме сателлитной, микро- и минисателлитной ДНК, транспозонов и ретротранспозонов. Способы транспозии мобильной ДНК	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
7	Тема 7. Методы анализа геномов	Лекционное занятие №4. Методы анализа геномов	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №12-14. Проба подготовка ДНК для секвенирования. Секвенирование по Сэнгеру	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	6
8	Тема 8. Полногеномное секвенирование и проблемы сборки геномов	Лекционное занятие №5 Полностью секвенированные и собранные геномы растений на хромосомном уровне.	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №16-17 Генетические и интегрированные карты для сборки геномов	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
9	Тема 9. Геномная селекция	Практическое занятие №18-20. Высокопроизводительное генотипирование однонуклеотидных полиморфиз-мов (SNP) для прогнозирования селекционной ценности. Генотипирование и фенотипирование эталонной (обучающая) популяции.	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос контрольная работа 2	6
	Раздел 2. Геномное редактирование		ПКос-1, ПКос-2	устный опрос, контрольная работа 2	12/2
10	Тема 10. «Инструменты» геномного редактирования	Практическое занятие №21 «Инструменты» геномного редактирования	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	2
11	Тема 11. Геномное редактирование с помощью CRISPR/Cas	Лекционное занятие № 6 Геномное редактирование: теоретические основы и использование в селекции	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	2
		Практическое занятие № 22-23 Условия работы CRISPR/Cas Варианты редактирования гена. Способы доставки системы редактировани	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
12	Тема 12. Функциональная геномика	Практическое занятие № 24 Методы функциональной геномики и области применениия	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос контрольная работа 2	4

Таблица 5

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
Раздел 1. Геномика растений		
1.	Тема 1. Геномика – инновационный курс. Практическое применение	Обработка информации и информационные технологии в биологии. База данных – GeneBank. (Национальный центр биотехнологической информации – NCBI). ПКос-1, ПКос-2
2.	Тема 2. Загадки генома: старые и новые	Размеры геномов садовых растений и их полногеномное секвенирование с использованием базы данных NCBI. Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) и аллелизм классической генетики ПКос-1, ПКос-2
3.	Тема 3. Особенности геномов растений	Особенности геномов отдельных садовых культур: полиплоидия, дупликация геномов и генов. ПКос-1, ПКос-2
4.	Тема 4. Митохондри-	Работа с базами данных NCBI. Анализ размеров митохондриаль-

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
	альная и хлоропластная ДНК	ной и хлоропластной ДНК отдельных садовых культур, входящих в дипломные проекты магистров. ПКос-1, ПКос-2
5.	Тема 5. Геномная организация генов	Структура генов и их экспрессия. Работа с научными статьями по теме организации генов в геноме садовых растений. ПКос-1, ПКос-2
6.	Тема 6. Геномная организация некодирующей протеины ДНК: тандемные повторы и мобильная ДНК	Использование некодирующей ДНК для создания молекулярных маркеров тесно сцепленных с геном (ISSR, AFLP). Роль некодирующей ДНК в регуляции экспрессии генов ПКос-1, ПКос-2
7.	Тема 7. Методы анализа геномов	Области применения NGS. Проблемы и артефакты NGS. Анализ транскриптомов с использованием нанопора секвенирования ПКос-1, ПКос-2
8.	Тема 8. Полногеномное секвенирование и проблемы сборки геномов	Работа в базе данных NCBI: геномы овощных культур полногеномно секвенированные. Методы сборки геномов. ПКос-1, ПКос-2
9.	Тема 9. Геномная селекция	Применение геномики в селекции садовых культур. Обзор научных статей по теме. ПКос-1, ПКос-2
	Раздел 2. Геномное редактирование	
11.	Тема 10. «Инструменты» геномного редактирования	Способы доставки системы CRISPR/Cas9 в растительную клетку. Методы анализа событий редактирования. ПКос-1, ПКос-2
12.	Тема 11. Геномное редактирование с помощью CRISPR/Cas	Иммунная система бактерий – прототип системы редактирования CRISPR/Cas. История открытия. Принцип работы. ПКос-1, ПКос-2
13.	Тема 12. Функциональная геномика	Области применения: изучение роли генетической изменчивости в формирова-нии изменчивости транскриптома в тканях; базы данных влияния всех возможных генетических вариантов на функциональную геномику, связанную с сельскохозяйственно-значимыми признаками. ПКос-1, ПКос-2

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 1. Геномика – инновационный курс. Практическое применение	Л	Проблемная лекция
2.	Тема 2. Загадки генома: старые и новые	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
3.	Тема 3. Особенности геномов растений	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
4.	Тема 4. Митохондриальная и хлоропластная ДНК	ПЗ	Круглый стол
5.	Тема 5. Геномная организация генов	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс

№ п/п	Тема и форма занятия		Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий (форм обучения)
6.	Тема 6. Геномная организация некодирующей протеины ДНК: тандемные повторы и мобильная ДНК	Л	Лекция-визуализация
7.	Тема 7. Методы анализа геномов	Л	Круглый стол
8.	Тема 8. Полногеномное секвенирование и проблемы сборки геномов	ПЗ	Круглый стол
9.	Тема 9. Геномная селекция	ПЗ	Проблемная лекция
10.	Тема 10. «Инструменты» геномного редактирования	ПЗ	Интерактивная форма: мастер-класс
11.	Тема 11. Геномное редактирование с помощью CRISPR/Cas	Л	Лекция-визуализация
12.	Тема 12. Функциональная геномика	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)

Контрольная работа №1

Вариант 1

1.Особенности генома растений

2. Методы секвенирования геномов

3. Трудности сборки полногеномного секвенирования

4. Генетические карты и их недостатки

5. Интегрированные генетические и физические карты

Вариант 2

1. Транспозоны и способ транспозиции в геноме

2. Базы данных нуклеотидных последовательностей

3. Расчет покрытия геномов при секвенировании

4. Организация протеин-кодирующих генов

Вариант 3

1. Митохондриальная и хлоропластеая ДНК

2. Принцип секвенирования по Сэнгеру

3. Тандемно-повторяющаяся ДНК и основные морфологические структуры хромосом.

4. LTR - ретротранспозоны

Вариант 4

1. Методы анализа геномов
2. Невирусные ретротранспозоны и способы интеграции в геноме
3. Сложность организмов и размер геномов
4. Перестройки в митохондриальной ДНК, цитоплазматическая мужская стерильность и создание маркеров для определения типа цитоплазмы
5. Поиск полиморфизма единичных нуклеотидов и создание на их основе маркеров

Контрольная работа №2

Вариант 1

1. «Молекулярные ножницы» для редактирования генов
2. Нанопоровое секвенирование (Nanopore Oxford technology). Принцип секвенирования. Типы нанопор. Длина прочтений. Недостатки.
3. Геномная селекция. Состояние полногеномного секвенирования культурных растений.
4. Севенирование геномов de novo, ресеквенирование, секвенирование индивидуальных геномов

Вариант 2

1. Инструменты геномного редактирования: ZFNs и TALLENs.
2. База данных – GeneBank (Национальный центр биотехнологической информации – NCBI)
3. Гены ортологи, парологи, ксенологи и псевдогены.
4. Терминология NGS: прочтение, глубина покрытия, сборка, риды, контиги.

Вариант 3

1. Геномное редактирование с помощью CRISPR/Cas
2. Методы функциональной геномики
3. Молекулярные маркеры на основе мини- и микросателитов.
4. Принцип Illumina секвенирования

Вариант 4

1. Способы доставки системы CRISPR/Cas9 в растительную клетку.
2. Геномное редактирование. Чем отличается от генной инженерии создания ГМО?
3. Инструменты для выключения генов: iRNA и CRISPR/Cas.
4. Применения функциональной геномики в селекции растений

Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (экзамен)

1. Геномика – как новая дисциплина: дать понятие дисциплины, когда возникла, чем занимается, перспективы развития, отличие от классической генетики.
2. Структура геномов эукариот. В чем заключается С-значения парадокс? Что значит С? Гипотеза ДНК постоянства.
3. Зависит ли сложность организма от количества генов в его геноме. G – значения загадка и ее решение.
4. Особенности геномов растений. Полиплоидия. Полногеномная дупликация. Трудности секвенирования.
5. Особенности геномов растений. Пластидная ДНК, митохондриальная ДНК.
6. Хромосомная организация генов. Единичные гены и семейства генов.
7. Протеин кодирующие гены. Дупликация генов. Тандемно повторяющиеся гены.
8. Гены ортологи, парологи, ксенологи и псевдогены.
9. Типы некодирующей ДНК. Тандемно повторяющаяся ДНК. Сателлитная ДНК. Мини- и микросателиты. Привести примеры мини- и микросателитов.
10. Мобильная ДНК. Два основных класса мобильных элементов: транспозоны и ретротранспозоны. Способы транспозиции в новые места генома.
11. Бактериальные транспозоны. Структура бактериального встраивающегося сиквенса (IS).
12. Нерепликативная транспозиция. Бактериальный транспозон, его структура и применение в изучении генетики бактериальных клеток.
13. Эукариотические транспозоны: Ds и As у кукурузы.
14. Ретротранспозоны: вирусные (LTR) Структура и репликативная транспозиция.
15. Невирусны ретротранспозоны (SINE, LINE).
16. Эксперименты на дрожжах, доказывающие репликативный способ транспозиции. L1 (LINE) элемент и его способ транспозиции. Alu повторы, их размер и число копий в геноме.
17. Денатурация и ренатурация ДНК. Температура плавления ДНК.
18. Медленно, средне и быстро реассоциирующая ДНК в геноме.
19. Секвенирование: дать определение, методы секвенирования, секвенирование по Сэнгеру (принцип метода), сколько геномов растений уже секвенировано.
20. Принцип Illumina секвенирования. Секвенирование путем синтеза с обратимым терминированием: Средняя длина ридов (прочтения) и число ридов.
21. Терминология NGS (new generation sequencing) секвенирования нового поколенеия: понятие референсный геном, ресеквенирование, секвенирование de novo, прочтение, глубина покрытия, сборка, риды, контиги.
22. Области применения NGC

23. Нанопоровое секвенирование (MinION, Nanopore Oxford technology). Принцип секвенирования. Типы нанопор. Длина прочтений. Недостатки
24. PacBio SMRT: принцип секвенирования. Длина прочтения
25. SNP-чипы. Генотипирование
26. Стратегии секвенирования: WGS, Ip WGS
27. Генетические карты: дать определение. Как конструируют генетические карты. Использование при сборке геномов de novo.
28. Валидация сборки геномов. Интегрированные генетические и физические карты, Tyramide-FISH. Проблемы сборки геномов. Оптическое картирование, Hi-C.
29. Секвенирование геномов de novo, ресеквенирование, секвенирование индивидуальных геномов, программа «Российские геномы».
30. Среднее покрытие генома. Провести расчет с использованием размера генома овощной культуры дипломных проектов магистров, выбрав метод секвенирования и соответствующую длину прочтения.
31. Транскриптом и RNA-seq использование в селекции.
32. Геномная селекция: дать определение. Принцип метода.
33. Геномное редактирование. Дать определение. Чем отличается от генной инженерии создания ГМО?
34. Инструменты геномного редактирования: нуклеазы цинковых пальцев (ZFNs), нуклеазы, подобные активатору транскрипции (TALLENs), Fok1 эндонуклеаза. Области применения
35. Открытие «иммунной системы» бактерий. Принцип работы «иммунной системы» бактерий.
36. Структура CRISPR/Cas и условия работы: crRNA, tracrRNA, sgRNA, PAM.
37. Лауреаты Нобелевской премии 2020 в области химии. В чем заключалось их открытие в области геномного редактирования?
38. Эндогенная репарация ДНК после двухцепочечного разрыва системой редактирования. Что такое InDel?
39. Применение CRISPR/Cas геномного редактирования в селекции растений.
40. Методы анализа геномов
41. Генетические карты
42. Принципы построения генетических карт
43. Недостатки генетических карт
44. Интегрированные генетические и физические карты
45. Сборка геномов в «scaffolds»
46. Сборка геномов в псевдохромосомы
47. Методы функциональной геномики
48. *In situ* гибридизация как метод построения физических карт
49. CRISPR/Cas и иммунная система бактерий
50. Гены ортологи, парологи, ксенологи
51. Геномная организация рибосомальных генов

52.Геномная организация генов, кодирующих гистоны
53.Дизайн gRNA: низкая вероятность «offtargen» и высокая активность
54. Редактирование гена: выключение; изменение нуклеотидной последовательности, кодирующей белок; модификация экспрессии
55. Полногеномное секвенирование и сборка генома от теломеры до теломеры
56. Молекулярных маркеры доминантные и кодоминантые
57.Принцип молекулярного маркирования
58. Типы систем молекулярного маркирования
59. Валидация сборки геномов с использованием Hi-C, оптического картирования и Tyramide-FISH
60. Геномная селекция: генотипирование и фенотипирование эталонной (обучающей) популяции.
61. Функциональная геномика: систематическое попарное удаление генов или подавление экспрессии генов для идентификации генов с родственной функцией
62. Инструменты для выключения генов: iRNA и CRISPR/Cas.
63.Области применения функциональной геномики

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
Оценка	**Неуд.**	**Удовл.**	**Хорошо**	**Отлично**
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 (Rфакт.сем > 50%Rнорм семестр), т.е. должен быть достигнут пороговый рейтинг;
- должен быть выполнен объем аудиторных занятий (включая посещение лекций), предусмотренный учебным планом.

Рейтинговый балл, выставляемый студенту

Рейтинговый балл (в % от макс. балла за дисциплину)	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. Брюхин, В.Б., Андрусенко Е.В. Функциональная генетика и геномика: учебник для студентов ВУЗов /. Брюхин, В.Б., Андрусенко Е.В. - СПБ: Университет ИТМО, 2021. – 112 с. ebook https://books.ifmo.ru/file/pdf/2759.pdf
2. Инге-Вечтомов, С.Г. Генетика с основами селекции: учебник для студентов ВУЗов / С. Г. Инге-Вечтомов. - 2-е изд. - Санкт-Петербург : Изд. Н-Л, 2010. - 718 с.
2. Смиряев, А.В. Основы биоинформатики: учебное пособие / А. В. Смиряев, Л. К. Панкина ; Московская сельскохозяйственная академия им. К. А. Тимирязева. - М. : МСХА, 2008. - 102 с.

7.2 Дополнительная литература

1. Браун, Т.А. Геномы / Т. А. Браун; пер. с англ. А.А. Светлова, под ред. д.б.н., проф. А.А. Миронова. - Москва: Институт компьютерных исследований, 2011. - 921 с.
2. Прохоров, И.А. Селекция и семеноводство овощных культур : учебное пособие для с.-х. вузов по спец. "Плодоовощеводство и виноградарство" / И. А. Прохоров, А. В. Крючков, В. А. Комиссаров. - М. : Колос, 1981. - 447 с.
3. Общая селекция растений: учебник для вузов / Ю. Б. Коновалов, В. В. Пыльнев, Т. И. Хупацария, В. С. Рубец. — 3-е изд., испр. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 480 с. — URL: https://e.lanbook.com/book/171892
4. Практикум по селекции и семеноводству полевых культур : учебное пособие / В. В. Пыльнев, Ю. Б. Коновалов, Т. И. Хупацария [и др.]. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 448 с. — URL: https://e.lanbook.com/book/168625
5. Молчание генов. Сборник научных трудов. Пущино: ОНТИ ПНЦ РАН, 2008, 309 с.

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

1. Protein Data Bank, база данных PDB – http://www.rcsb.org (открытый доступ)

2. SWISS-PROT, UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt - http://beta.uniprot.org (открытый доступ)

3. База данных UniProt на сервере Европейского института геномики и протеомики (European Bioinformatics Institute, EBI) – http://www.ebi.ac.uk/uniprot (открытый доступ)

4. 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)

5. Классическая и молекулярная биология – http://molbiol.ru (открытый доступ)

6. 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)

7. Практическая молекулярная биология – http://molbiol.edu.ru (открытый доступ)

8. 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) (открытый доступ)

9. Сервер Центра моделирования молекул Национального Института Здоровья NIH, США –http://cmm.info.nih.gov/modeling (открытый доступ)

9 Методические указания, рекомендации и другие материалы к занятиям

Обязательное посещение лекций, практических и лабораторных занятий. Активное участие на занятиях. Тщательное выполнение рекомендаций преподавателя. Ведение подробного конспекта. Самостоятельная работа с основной и дополнительной литературой.

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 8

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**
Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, Читальные залы библиотеки	Столы, стулья, учебная литература
Общежитие. Комната для самоподготовки	Столы, стулья

10. Методические рекомендации обучающимся по освоению дисциплины

Часть объема материала студенту необходимо освоить самостоятельно в соответствии с темами для самостоятельной подготовки из таблицы 5. Студенты должны соблюдать дисциплину, вовремя приходить на занятия, предоставлять 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: размещение в сетевом доступе комплексов 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.

11. Виды и формы обработки 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 проведения молекулярно-генетических исследований. Необходимо разбираться в нюансах работы с молекулярными маркерами, чтобы при необходимости была возможность исправить ошибку студента и скорректировать используемые протоколы в зависимости от вида культуры и типа маркера. 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 семинарских и 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 коли

чества позитивных примеров учреждений и специалистов добившихся высоких результатов в своих отраслях биотехнологии, для стимулирования интереса студентов к углубленному изучению данных дисциплин.

Программу разработал (и):

Монахос С.Г., д.с.-х.н., профессор _____
(подпись)

Хрусталева Л.И., д.б.н., профессор _____
(подпись)

РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины
Б1.В.05 «Геномика растений»
ОПОП ВО по направлению 35.04.05 «Садоводство», направленности «Биотехнология и селекция растений»
(квалификация выпускника – магистр)

Тереховой Верой Ивановной, и. о. заведующей кафедры овощеводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», кандидатом сельскохозяйственных наук (далее по тексту рецензент), проведена рецензия рабочей программы дисциплины «Геномика растений» ОПОП ВО по направлению 35.04.05 - «Садоводство», направленности «Биотехнология и селекция растений» (квалификация выпускника – магистр), разработанной в ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», на кафедре ботаники, селекции и семеноводства садовых растений (разработчики Хрусталева Л.И., профессор кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, доктор биологических наук, профессор, и Монахос Сократ Григорьевич, заведующий кафедрой ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, доктор сельскохозяйственных наук, профессор).

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

1. Предъявленная рабочая программа дисциплины «Геномика 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 базовой части учебного цикла – Б1.

3. Представленные в Программе ***цели*** дисциплины *соответствуют* требованиям ФГОС ВО направления 35.04.05 - «Садоводство».

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Геномика растений» закреплена 1 ***компетенция***. Дисциплина «Геномика 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 «Геномика растений» составляет 5 зачётных единиц (108 часов/из них практическая подготовка 4 часа).

6. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин *соответствует* действительности. Дисциплина «Геномика 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, используемых при реализации различных видов учебной работы. Формы образовательных технологий *соответствуют* специфике дисциплины.

8. Программа дисциплины «Геномика растений» предполагает 4 занятия 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 участий в дискуссии, круглом столе, участие в тестировании), *соответствуют* специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

11. Форма промежуточного контроля знаний студентов, предусмотренная Программой, осуществляется в форме экзамена, что *соответствует* статусу дисциплины, как дисциплины базовой части учебного цикла – Б1ФГОС ВО направления 35.04.05 – «Садоводство».

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

13. Учебно-методическое обеспечение дисциплины представлено: основной литературой – 3 источника, дополнительной литературой – 5 наименований, Интернет-ресурсы – 9 источников и *соответствует* требованиям ФГОС ВО направления 35.03ю05 –«Садоводство».

14. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины "Геномика растений» 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 «Геномика растений».

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Геномика растений» » ОПОП ВО по направлению 35.04.05 - «Садоводство», направленности «Биотехнология и селекция растений» (квалификация выпускника – магистр), разработанной Хрусталевой Л.И., д.б.н., профессором м Монахосом С.Г., д.с.-х.н., профессором соответствует требованиям ФГОС ВО, современным требованиям экономики, рынка труда и позволит при ее реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Терехова Вера Ивановна, к.с.-х.н., и.о. зав. кафедры овощеводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» _____ «29» августа 2024 г.