

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о документе:

ФИО: Акчурин Сергей Владимирович

Должность: Заместитель директора института зоотехнии и биологии

Дата подписания: 21.02.2025 10:55:41

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 ботаники, селекции и семеноводства садовых растений

УТВЕРЖДАЮ:

И.о. директора института зоотехнии и биологии

Акчурин С.В.

“30” августа 2024 г.



РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Б1.В.ДВ.02.02 Биоинформатика в селекции растений

для подготовки магистров

ФГОС ВО

Направление 06.04.01 Биология

Направленность (программа) «Биоинформатика»

Курс: 1

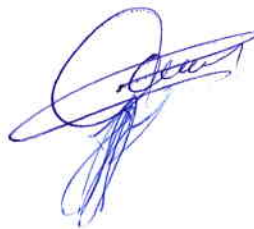
Семестр: 1

Форма обучения: очная

Год начала подготовки: 2024

Москва, 2024

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



«28» августа 2024 г.

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



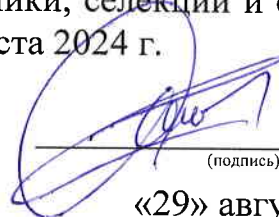
(подпись)

«29» августа 2024 г.

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

Программа обсуждена на заседании кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, протокол №9.1 от «29» августа 2024 г.

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



(подпись)

«29» августа 2024 г.

Согласовано:

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

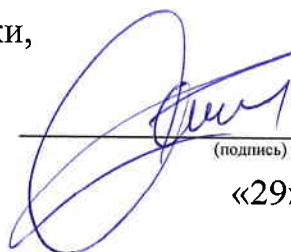


(подпись)

Протокол №7 от «29» августа

«29» августа 2024 г.

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



(подпись)

«29» августа 2024 г.

Зав. Отделом комплектования ЦНБ /



(подпись)

СОДЕРЖАНИЕ

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	4
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ	4
3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ «БИОИНФОРМАТИКА В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ», СООТВЕТСТВУЮЩИХ РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	5
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	5
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЕМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ ПО СЕМЕСТРАМ	5
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	9
4.3 ПРАКТИЧЕСКИЕ ЗАНЯТИЯ	12
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	15
6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕШАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	16
6.1. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений и навыков и (или) опыта деятельности	16
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	21
7.1 Основная литература	21
7.2 Дополнительная литература	21
8. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)	21
9. ПЕРЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ СИСТЕМ	21
10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ	22
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ СТУДЕНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	23
Виды и формы отработки полученных знаний	23
12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	23

АННОТАЦИЯ

рабочей программы учебной дисциплины

Б1.В.ДВ.02.02 «Биоинформатика в селекции растений»

для подготовки магистра по направлению 06.04.01 Биология
направленности «Биоинформатика»

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

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

Требования к результатам освоения дисциплины: в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: 2 профессиональные компетенции ПКос-3, ПКос-4 (ПКос-3.1; ПКос-3.2; ПКос-3.3; ПКос-4.1; ПКос-4.2; ПКос-4.3).

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

Общая трудоемкость дисциплины: 108/3 (часы/зач. ед.)
Промежуточный контроль: экзамен

1. Цель освоения дисциплины

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

2. Место дисциплины в учебном процессе

Дисциплина «Биоинформатика в селекции растений» включена в часть профессионального цикла, формируемую участниками образовательных отношений. Реализация в дисциплине «Биоинформатика в селекции растений» требований

ФГОС ВО, ОПОП и Учебного плана по направлению 06.04.01 Биология для подготовки магистров направленности «Биоинформатика».

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

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

Данная дисциплина знакомит студентов с основными методами и подходами биоинформатики, используемыми при работе с различными типами биологических данных. Кроме того, ее особенность заключается в том, что она помогает развивать навыки работы со ключевыми 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 «Биоинформатика в селекции растений» для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья разрабатывается индивидуально с учетом особенностей психофизического развития, индивидуальных возможностей и состояния здоровья таких обучающихся.

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

Изучение данной учебной дисциплины направлено на формирование 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.

Требования к результатам освоения учебной дисциплины

Таблица 1

№ п/п	Код компетенции	Содержание компетенции (или ее части)	Индикаторы компетенций	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:		
				знать	уметь	владеть
1.	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 компетенции биоинформатики;	находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе лабораторных экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных методов их достижения;	правилами работы оптимальных параметров проведения анализа, систематизации и интерпретации данных биологических объектов, и их корректное выявление
			ПКос-3.2 проводить производственную технологическую деятельность в области биоинформатики и смежных дисциплин, самостоятельно использовать современные технологии для решения задач профессиональной деятельности	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 биологических объектов так
		ПКос-3.3 совершенные технологические области биоинформатики и генетики	особенности, возможности и ограничения специализированных	работать со специализированными серверами и данными баз	навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях,	

			использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам		
2. ПКос-4	Способен профессионально работать с исследовательским и испытательным оборудованием (приборами и установками, специализированными пакетами прикладных программ) в избранной предметной области	применяемые при решении теоретических и практических задач в селекции растений и животных	баз данных и специфику работы с ними	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-4.1 специфика полевых и лабораторных работ в соответствии с избранной предметной областью, принципы работы, использование оборудования (специализированных пакетов прикладных программ)	базовые основы и современные направления развития биотехнологических и селекционных инженерии, молекулярного моделирования, а также их практическое использование	пользоваться современными инструментами и подходами при молекулярной диагностике, применять полученные знания на практике, критически анализировать полученную информацию и представлять результаты исследований	навыками анализа и способностью выбора методов и средств для решения прикладных задач селекции и биотехнологии, геномной инженерии, молекулярного моделирования
		ПКос-4.3 способность оценивать точность полученных экспериментальных (численных) результатов	основные ресурсы информационной сети Интернет, информационно-справочные системы	пользоваться зарубежными и отечественными информационными базами данных при составлении рефератов, обзоров, для поиска научной литературы в учебной и	навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования ресурсов

				системы для поиска научной биологической информации	профессиональной деятельности	сов Интернета применительно к биологическим объектам
--	--	--	--	---	-------------------------------	--

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 2а

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Вид учебной работы	Трудоёмкость	
	час.	
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	108	
1. Контактная работа:	40,4	
Аудиторная работа	38	
<i>в том числе:</i>		
лекции (Л)	14	
практические занятия (ПЗ)	24	
консультации перед экзаменом	2	
контактная работа на промежуточном контроле (КРД)	0,4	
2. Самостоятельная работа (СРС)	67,6	
<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>		
Подготовка к экзамену (контроль)	33,6	
Вид промежуточного контроля:	Экзамен	

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплины (укрупнённо)	Всего	Аудиторная работа				Внеаудиторная работа
		Л	ПЗ/С	ПКР		
Раздел 1 Бионформатика в селекции растений	108	14	24	2,4		34
Тема 1. Введение в бионформатику в селекции растений	7	1	2	-		4
Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	7	1	2	-		4
Тема 3. Основные бионформатические ресурсы и базы данных	8	2	2	-		4
Тема 4. Парное и множественное выравнивание.	10	2	4	-		4
Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	8	2	2	-		4
Тема 6. Филогения	12	2	4	-		6
Тема 7. Анализ протеомных данных	10	2	4	-		4
Тема 8. Методы бионформатики в селекции растений	10	2	4	-		4
Консультация перед экзаменом	2	-	-	2		-
Контактная работа на промежуточном контроле (КРД)	0,4	-	-	0,4		-
Подготовка к экзамену	33,6	-	-	-		33,6
Итого по дисциплине	108	14	24	2,4		67,6

Раздел 1 Бионформатика в селекции

Тема 1. Введение в бионформатику в селекции растений

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

Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений

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

Тема 3. Основные бионформатические ресурсы и базы данных.

Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных EMBL, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов, структура записей в файлах, форматы представления данных, особенности представления данных в базах данных. Основные бионформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, RDB, KEGG. Генные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по экспрессии генов: GEO (Gene Expression Omnibus), Array Express и Expression Atlas. Базы данных SWISS-2DPA, RefSeqAtlas, Human Proteome Atlas, NeXProt.

Тема 4. Парное и множественное выравнивание.

Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание: Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замены (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритм Нидельмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Инструмент для поиска удалённых эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания: решение задач множественного выравнивания с помощью

программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Tcoffe. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регулярные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств Pfam.

Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК

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

Тема 6. Филогения

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

Тема 7. Анализ протеомных данных

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

Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений.

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

4.3 Практические занятия

Таблица 4

Содержание практических занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/практических/семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
Раздел 1. Биоинформатика в селекции					
1	Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	Лекционное занятие №1. Введение в биоинформатику в селекции растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос контрольная работа 1,2	22
		Практическое занятие №1. Основные понятия: ДНК, РНК, ген. Геном, транскриптом, протеом. Понятие сиквенса.	ПКос-3, ПКос-4		
		Практическое занятие №2. Геном растения: ядерный, митохондриальный, плазмид. Роль биоинформатики в селекционной работе.	ПКос-3, ПКос-4		
2	Тема 2. Основы геномики и транскриптомки растений	Лекционное занятие №2. Основы геномики и транскриптомки растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
		Практическое занятие №3. Структура и функция ДНК и РНК. Гены и их экспрессия. Генные и транскриптомные анализы.	ПКос-3, ПКос-4		
3	Тема 3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	Рубежная контрольная работа по темам 1, 2	ПКос-3, ПКос-4	контрольная работа 1	1
		Лекционное занятие №3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	ПКос-3, ПКос-4		
4	Тема 4. Парное и множественное выравнивание	Практическое занятие №4. Базы данных. Классификация баз данных.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
		Лекционное занятие №4. Парное и множественное выравнивание	ПКос-3, ПКос-4		
5	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	Практическое занятие №5. Парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	4
		Лекционное занятие №5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	ПКос-3, ПКос-4		

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	
		Раздел 1. Биоинформатика в селекции	
1.	Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	Определение понятия «Биоинформатика». Основные понятия: ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом, протеом. Понятие генома. Основные задачи и направления биоинформатики. Геном растений: ядерный, митохондриальный, плазмид. Роль биоинформатики в селекционной работе. Исторический обзор развития биоинформатики в селекции растений. Основные задачи и проблемы в биоинформатике в селекции растений. ПКос-3, ПКос-4	
2.	Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом. Различные типы геномов растений. Методы исследования генома растений. Транскрипция. Методы анализа транскриптома. Эпигенетическая регуляция генома растений. Типы эпигенетических механизмов регуляции. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде. ПКос-3, ПКос-4	
3.	Тема 3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных.	Способы представления информации о последовательностях. Основы структур баз данных: запись, поля, объекты. Форматы записи FASTA, BLAST, GenBank, RDB. Классификация баз данных NCBI (RefSeq, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar). Базы данных UniProt, KEGG, Gene Ontology, PlantGDB. Геномный браузер UCSC. База данных NCBI Homologene. Базы данных трехмерных структур (SCATN, Dalí, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD). Регуляторные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств Pfam.	
4.	Тема 4. Парное и множественное выравнивание	Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. FastA, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замены (PAM, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритм Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания: ClustalW, TreeK, RoboSort, MUSCLE, TCOffee. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей. Домены и профили. Регуляторные выражения. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE. Базы данных по анализу белковых семейств Pfam. ПКос-3, ПКос-4	
5.	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	Анализ последовательностей нуклеотидов. Методы секвенирования генома и транскриптома. Современные принципы работы с целям геномом. Инструменты для сборки и работы с геномом. Микро칩ы	

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/практических/семинарских занятий	Формы руемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
6	Тема 6. Филогения	Практическое занятие №6. Методы секвенирования генома и транскриптома	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
		Практическое занятие №7. Функциональное аннотирование генома и транскриптома. Сравнительный анализ генома и транскриптома.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
		Рубежная контрольная работа по темам 3, 4, 5	ПКос-3, ПКос-4	контрольная работа 2	1
		Лекционное занятие №6. Филогения	ПКос-3, ПКос-4		2
7	Тема 7. Анализ протеомных данных	Практическое занятие №8. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
		Практическое занятие №9. Филогения. База данных NCBI Homologene. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
		Лекционное занятие №7. Анализ протеомных данных	ПКос-3, ПКос-4		2
		Практическое занятие №10. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST)..	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
8	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	Практическое занятие №11. Моделирование трехмерной структуры белка методом томологического моделирования в программе Modeler.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
		Лекционное занятие №8. Методы биоинформатики в селекции растений	ПКос-3, ПКос-4		2
		Практическое занятие №12. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
		Практическое занятие №13. Построение генных карт и межвидовых карт.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
6.	Тема 6. Филогения	(microarrays) и анализ профилей экспрессии генов. Технологии RNASeq. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Предварительная обработка и нормализация данных. Функциональное аннотирование генома и транскриптома. Сравнительный анализ генома и транскриптома. Идентификация организмов и расшифровка генетических маркеров с помощью последовательности ДНК и РНК. ПКос-3, ПКос-4
7.	Тема 7. Анализ протеомных данных	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция. Подходы к изучению филогенеза, видовой разнообразия и эволюционных взаимоотношений. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях. Изменчивость генетической информации: делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, генетических систем. Транзиции и трансверсии. Факторы эволюции генетических систем. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. ПКос-3, ПКос-4
8	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная). Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Strucsite, NCBI CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller. 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.	Введение	Интерактивная форма: мастер-класс
1.	Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	ПЗ Интерактивная форма: мастер-класс
2.	Тема 3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	ПЗ Круглый стол

№ п/п	Тема и форма занятия	Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий (форм обучения)
3.	Тема 4. Парное и множественное выравнивание.	ПЗ Интерактивная форма: мастер-класс
4.	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	ПЗ Круглый стол
5.	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	ПЗ Круглый стол

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

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

Вопросы для подготовки к контрольным мероприятиям (текущий контроль)

Устный опрос

1. Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
2. Организация геномов про - и эукариот.
3. Системная биология: от молекул к молекулярным ансамблям и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.
4. Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике.
5. Методы онтологического моделирования.
6. Алгоритмы структурной и функциональной аннотаций геномных последовательностей.
7. Методы выравнивания последовательностей.
8. Быстрый поиск последовательностей в банках данных.
9. Алгоритмы BLAST, BLAT, SSAHA.
10. Ассемблирование геномов.
11. Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков;
12. Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций.
13. Сравнение пространственных структур белков.
14. Предсказание и моделирование пространственных структур белков.
15. PDB. Структура записи PDB.
16. Предсказание параметров спирали ДНК.
17. Предсказание и представление вторичной структуры РНК. Минимизация энергии вторичной структуры (динамическое программирование).
18. Основы структур баз данных (записи, поля, объекты). Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые).

19. Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, RDB.
20. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п. Базы белковых семейств (SCOP, ProSite, ProDom, PfAM, InterPro).
21. Метаболические базы данных. Генетические банки (физические карты). Специализированные банки данных.
22. Фолдинг и его распознавание
23. Семейство программ, служащих для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности.
24. Функциональные особенности основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn), белковые (blastp, cdart, psblast, psi-blast, phi-blast).
25. Алгоритмы поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности.
26. Сравнение метаболических путей различных организмов и их изменения в ходе эволюции.
27. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений.
28. Изменчивость генетической информации: делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации.
29. Транзиции и трансверсии.
30. Факторы эволюции генетических систем.

Контрольная работа №1

Вариант 1

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

Вариант 2

7. Геном растения: ядерный, митохондриальный, плазмид.
8. Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом.
9. Методы исследования генома растений.
10. Эпигенетическая регуляция генома растений.

Контрольная работа №2

Вариант 1

1. Глобальное и локальное выравнивание.
2. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания.
3. Методы секвенирования генома.
4. Методы анализа множественной экспрессии генов.

Вариант 2

5. Парное выравнивание.
6. Метод скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.
7. Методы секвенирования транскриптома.
8. Микроипы (microarray) и анализ профилей экспрессии генов.

Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (экзамен)

1. Определение понятий ДНК, РНК.
2. Определение понятий ген, геном, транскриптом.
3. Геном растения: ядерный, митохондриальный, плазмид.
4. Роль биоинформатики в селекционной работе.
5. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.
6. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом.
7. Различные типы геномов растений.
8. Методы исследования генома растений.
9. Транскрипция. Методы анализа транскриптома.
10. Эпигенетическая регуляция генома растений.
11. Типы эпигенетических механизмов регуляции.
12. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.
13. Базы данных EMBL, GenBank, EBI, EMBL, DDBJ.
14. Модель данных NCBI, основа формирования данных.
15. Форматы представления данных.
16. Особенности представления данных в базах данных.
17. Основные биоинформатические базы данных
18. Геномные браузеры
19. Базы данных по экспрессии генов.
20. Выравнивание последовательностей.
21. Цели и типы выравниваний.
22. Парное выравнивание.
23. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).
24. Принципы выравнивания последовательностей.
25. Понятие гомологии.
26. Ортологи и паралоги.
27. Расчёт оценки выравнивания (Score).
28. Сходство последовательностей.
29. Матрицы замен.
30. Глобальное и локальное выравнивание.
31. Оптимизация выравнивания.
32. Методы парного выравнивания.
33. Алгоритм Нидельмана-Вунша.

34. Динамическое программирование.
35. Алгоритм Смита-Уотермана.
36. PSI-BLAST.
37. Множественные выравнивания.
38. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания.
39. Программы для проведения множественного выравнивания.
40. ClustalW, Praline, Probcons.
41. MUSCLE, Toffee.
42. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.
43. Домены и профили.
44. Регулярные выражения.
45. Базы данных для поиска мотивов в белках PROSITE.
46. Базы данных по анализу белковых семейств Pfam.
47. Методы секвенирования ДНК.
48. Методы секвенирования РНК.
49. NGS: технологии секвенирования, виды.
50. Секвенирование 3го поколения.
51. Современные принципы работы с целым геномом.
52. Инструменты для сборки и работы с геномом.
53. Микрочипы.
54. Анализ профилей экспрессии генов.
55. Технология RNASeq.
56. Технология ChIP-Seq.
57. Анализ качества результатов секвенирования.
58. Сборка генома.
59. Картирование генома.
60. Предварительная обработка и нормализация данных.
61. Функциональное аннотирование генома.
62. Функциональное аннотирование транскриптома.
63. Сравнительный анализ генома.
64. Сравнительный анализ транскриптома.
65. Идентификация организмов с помощью последовательности ДНК и РНК.
66. Расшировка генетических маркеров.
67. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная).
68. Методы получения трехмерной структуры белка.
69. Структура PDB файла.
70. Базы данных трехмерных структур.
71. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур.
72. NCBI VAST.
73. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот.
74. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.
75. Метод моделирования по гомологиям.

76. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов рас-
тений.
77. Генные карты.
78. Межвидовые карты.
79. Построение генных карт и межвидовых карт.
80. Количественная генетика и селекционные индексы.

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				
	0	2	4	5	
Устный опрос					
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,ставляемый студенту

Рейтинговый балл

Оценка по традиционной шкале

Отлично
Хорошо

60,1 – 65 %
Менее 60 %

Удовлетворительно
Неудовлетворительно

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

1. Смирязев А. В. Основы биоинформатики : учебное пособие для подготовки магистров по напр. "Агрономия"; молекулярная генетика; математическое моделирование; информатика / А. В. Смирязев, Л. К. Панкина; Московская сельскохозяйственная академия им. К. А. Тимирязева. - М. : МСХА, 2008. - 102 с.
2. Компо, Ф. Алгоритмы биоинформатики / Ф. Компо, П. Певзнер ; перевод с английского И. Л. Люско. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 682 с. — ISBN 978-5-93700-175-7. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/314972>

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 : СПбГПУ, 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. Галзаов. — 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. Хупалария, В. С. Рубел. — 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.ebi.ac.uk/> (открытый доступ)

21

3. Бесплатная поисковая система по биомедицинским исследованиям PubMed - <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> (открытый доступ)
4. Сервер Национального центра биотехнологической информации США (NCBI): базы данных GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene и др. - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (открытый доступ)

5. DNA Data Bank of Japan - <https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>
6. SWISS-PROT, UniProt 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/uni-prot> (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 SCATN Protein Structure Classification - <http://www.scatnb.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 веб-адресами и краткой характеристикой молекулярно-биологических баз данных – <http://www.jebd.ru> (открытый доступ)
13. Практическая молекулярная биология – <http://molbiol.edu.ru> (открытый доступ)
14. База данных геномов растений - <https://www.plantdb.org/>
15. Сервер Центра моделирования молекул Национального Института Здравоохранения США – <http://stpm.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

22

«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 Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, читальные залы библиотеки	2 Столы, стулья, учебная литература
Общжитие №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 информационные ресурсы, 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.

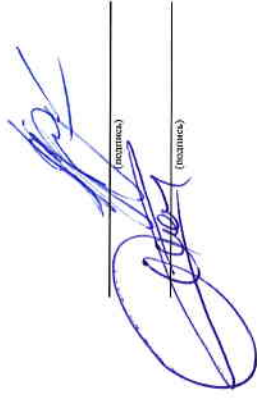
При преподавании курса необходимо ориентироваться на современные образовательные технологии путем использования группового способа обучения

на практических занятиях, разбора конкретных ситуаций и интерактивного обсуждения результатов исследований учебных работ. Реализация современного подхода должна обеспечиваться широким использованием активных интерактивных форм проведения занятий, посещение профильных научно-исследовательских учреждений и повышение интерес к изучению дисциплины. Задачей преподавателя является привлечение 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 (и):

Лисовая Д.Д., ассистент

Монахов С.Г., д.с.-х.н., профессор


(подпись)
(подпись)

РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины «Биоинформатика в селекции растений» 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 «Биоинформатика в селекции растений» 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 «Биоинформатика в селекции растений» (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 «Биоинформатика в селекции растений» закреплена **2 компетенции**. Дисциплина «Биоинформатика в селекции растений» и представленная Программа способна реализовать их в объявленных требованиях.

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

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

6. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Дисциплина «Биоинформатика в селекции растений» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 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 «Биоинформатика в селекции растений» предполагает **18 часов** занятий в интерактивной форме.

9. Виды, содержание и трудоёмкость самостоятельной работы студентов, представленные в Программе, соответствуют требованиям к подготовке выпускников, содержащимся во ФГОС ВО направления 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 **экзамена**, 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 «Биоинформатика в селекции растений» и обеспечивает использование современных образовательных, в том числе интерактивных методов обучения.

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

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Биоинформатика в селекции растений» ОПОП ВО по направлению 06.04.01 Биология, направленность «Биоинформатика» (квалификация выпускника – магистр), разработанная Лисовой Дарьей Дмитриевной, ассистентом и Монахосом Сократом Григорьевичем, заведующим кафедрой, д.с.-х.н., соответствует требованиям ФГОС ВО, современным требованиям экономики, рынка труда и позволит при её реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Монахос Григорий Федорович, генеральный директор ООО «Селекционная станция им. Н.Н.Тимофеева», кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник _____ «20» августа 2024 г.

(подпись)

Подпись рецензента Монахоса Григория Федоровича заверяю