

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕДЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ

Должность: Заместитель директора по научной и практической работе

Дата подписания: 24.07.2025 10:55:41

Уникальный программный ключ:

7abcc100773ae7c9cced4a7a083ff3fbbf160d2a

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕДЖДЕНИЕ 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)

«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)

«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. ПЕРЧЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ «БИОИНФОРМАТИКА В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ», СООТНесЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОРГАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	5
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	5
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЕМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ ПО СЕМЕЙСТРАМ	5
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	5
4.3 ПРАКТИЧЕСКИЕ ЗАНЯТИЯ	9
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	12
6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	15
6.1. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений и навыков и (или) опыта деятельности	16
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	21
7.1 Основная литература	21
7.2. Дополнительная литература	21
8. ПЕРЧЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)	21
9. ПЕРЧЕЧЕНЬ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ИНФОРМАЦИОННЫХ СПРАВОЧНЫХ СИСТЕМ	21
10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ	22
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ СТУДЕНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ	23
Виды и формы отработки пропущенных занятий	23
12. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРИПОДОБАВАТЕЛЯМ 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 международных баз данных и использованием современных подходов в области структурной и системной биоинформатики. Знакомство с алгоритмами основных биоинформационных 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 профessionальные компетенции ПКос-3, 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 биоинформационных 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

		применяемые при решении творческих практических задач в селекции растений и животных	без данных и специфика работы с ними	использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам
		ПКос-4.1 специфика полевых и лабораторных работ в соответствии с изобретеннойой предлагаемой обработкой, принципы работы с используемого оборудования (специализированной пакетами программ)	технические и программные средства реализации биоинформатических методов анализа	использовать стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задачи биоинформатики
2.	ПКос-4	Способен профессионально работать с пользовательским и испытательным оборудованием (приборами и установками, специализированными пакетами прикладных программ) в избранной предметной области	ПКос-4 проводить эксперименты с использованием изобретенного биохимического оборудования (пакетов прикладных программ)	методами проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей

7

		стены для поиска научной информации	профессиональной деятельности	сов. Интернета применительно к биологическим объектам

8

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 2а

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Вид учебной работы	Горудоёмкость
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	108
1. Контактная работа:	40,4
Аудиторная работа	38
<i>в том числе:</i>	
<i>лекции (Л)</i>	14
<i>практические занятия (ПЗ)</i>	24
<i>консультации перед экзаменом</i>	2
<i>комплектная работа на промежуточном контроле (КРА)</i>	0,4
2. Самостоятельная работа (СРС)	67,6
<i>самостоятельно изучение разделов, самоподготовка (проработка и повторение лекционного материала и материалов учебников и учебных пособий, подготовка к творческим и практическим занятиям, коллоквиумам и т.д.)</i>	34
<i>Подготовка к экзамену (контроль)</i>	33,6
<i>Вид промежуточного контроля:</i>	
<i>Экзамен</i>	

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины				
Наименование разделов и тем дисциплины (укрупненно)	Всего	Аудиторная работа		
		Л	ПЗ/С	ПКР
Раздел 1 Биоинформатика в селекции растений	108	14	24	2,4
Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	7	1	2	-
Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	7	1	2	-
Тема 3. Основные биоинформационные ресурсы и базы данных	8	2	2	-
Тема 4. Парное и множественное выравнивание.	10	2	4	-
Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	8	2	2	-
Тема 6. Тема 6. Филогения	12	2	4	-
Тема 7. Анализ протеомных данных	10	2	4	-
Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	10	2	4	-
Консультация перед экзаменом	2	-	-	2
Контактная работа на промежуточном контроле (КРА)	0,4	-	-	0,4
Подготовка к экзамену	33,6	-	-	33,6
Итого по дисциплине	108	14	24	2,4

Раздел 1 Биоинформатика в селекции

Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений

Определение понятия «Биоинформатика». История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможносты и перспективы. Специфика работы с биологическими данными. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и практических задач. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль биоинформатики в селекционной работе. Исторический обзор развития биоинформатики в селекции растений. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.

Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений

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

Тема 3. Основные биоинформационные ресурсы и базы данных.

Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Еллрез, ГеневБанк, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCB1, основа формирования данных, типы данных для описания объектов, структура записей в файлах, форматы представления данных, особенности представления данных в базах данных. Основные биоинформационные базы данных: NCB1 (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC). Базы данных по экспрессии генов: GEO (Gene Expression Omnibus), Affy Express и Expression Atlas. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, 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. Расчет оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (РАМ, BLOSUM). Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Нильдмана-Бунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Утермана). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью

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

Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК

Анализ последовательностей нуклеотидов. Методы секвенирования генома и транскриптома. Современные принципы работы с целым геномом. Инструменты для сборки и работы с геномом. Микроципы (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, NCB1 Structure, NCB1 CDD). Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявление сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST). Изучение свойств белковых молекул при помощи программы RuMol. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.

Тема 8. Методы бионформатики 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	Форма речевых компетенций	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
	Раздел 1. Бионинформатика в селекции	Лекционное занятие №1. Введение в бионинформатику в селекции растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос контрольная работа 1,2	22
1	Тема 1. Введение в биоинформатику в селекции растений	Практическое занятие №1. Основные понятия №1. Геном, транскриптом, протеом. Понятие синтеза	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
	Тема 2. Основы геномики и транскриптомики растений	Практическое занятие №2. Геном растений: ядерный, митохондриальный, пластом. Роль бионинформатики в селекционной работе.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
2	Тема 3. Основы биоинформатических ресурсов и базы данных	Практическое занятие №3. Структура и функции ДНК и РНК. Гены и их экспрессия. Геномные и транскриптомные анализы.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
	Тема 4. Парное и множественное выравнивание	Рубежная контрольная работа по темам 1, 2	ПКос-3, ПКос-4	контрольная работа 1	1
3	Тема 5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	Лекционное занятие №3. Основные биоинформатические ресурсы и базы данных	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
4	Тема 6. Анализ протеомных данных	Практическое занятие №4. Базы данных. Классификация баз данных.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
5	Тема 7. Методы бионформатики в селекции растений	Лекционное занятие №5. Парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	4
	Тема 8. Методы бионформатики в селекции растений	Лекционное занятие №5. Анализ последовательностей ДНК и РНК	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2

Таблица 5

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/практических/семинарских занятий	Формы румые контrollного комитета	Вид мероприятия	Кол-во часов
	Практическое занятие №6. Методы секвенирования генома и транскриптома	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.	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	Рубежная контрольная работа по темам 3, 4, 5	ПКос-3, ПКос-4	контрольная работа 2	1
	Лекционное занятие №6. Филогения	Лекционное занятие №6. Филогения	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
6	Тема 6. Филогенетика	Практическое занятие №8. Филогенетические модели и анализ геномов в филогенетических исследованиях.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	1
	Практическое занятие №9. Анализ протеомных данных	Практическое занятие №9. Анализ протеомных данных	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
7	Тема 7. Анализ протеомных данных	Практическое занятие №10. Инструменты для интерактивной визуализации белковых структур. Выявление сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST)..	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
	Практическое занятие №11. Моделирование трехмерной структуры белка методом томографического моделирования в программе Modeller.	Практическое занятие №11. Моделирование трехмерной структуры белка методом томографического моделирования в программе Modeller.	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
8	Тема 8. Методы биоинформатики в селекции растений	Методы биоинформатики в селекции растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
	Практическое занятие №12. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений	Практическое занятие №12. Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2
	Построение генетических карт	Построение генетических карт	ПКос-3, ПКос-4	устный опрос	2

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень вопросов для самостоятельного изучения
Раздел 1. Биоинформатика в селекции		

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень вопросов для самостоятельного изучения
Определение понятия «Биоинформатика». Основные понятия: ДНК, РНК, ген, геном, транскриптом, протон. Понятие сикланса. Основные задачи и направления биоинформатики. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом. 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		

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения	Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий (форм обучения)
3.	Тема 4. Парное и множественное выравнивание.	(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. ПКос-3, ПКос-4	ПЗ Интерактивная форма: мастер-класс

6.	Тема 6. Филогения	Филогенетический анализ и молекулярная эволюция. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений. Современные принципы биологической таксономии. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследований. Изменчивость генетической информации: делесии, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещение мобильных генетических элементов горизонтальным переносом генетической информацией, геномные мутации. Транзиции и трансверзы. Факторы эволюции и генетических систем. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев. ПКос-3, ПКос-4	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 (NCBI VAST). Изучение 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 Modeler. ПКос-3, ПКос-4
7.	Тема 7. Анализ протеомных данных	Использование маркеров для определения генотипов и фенотипов растений. Построение генных карт и межвидовых карт. Количественная генетика и селекционные индексы. Моделирование генотипических и фенотипических характеристик. ПКос-3, ПКос-4	Использование геномных карт и межвидовых карт. Количественная генетика и селекционные индексы. Моделирование генотипических и фенотипических характеристик. ПКос-3, ПКос-4
8	Тема 8. Методы бионинформатики в селекции растений	Использование геномных карт и межвидовых карт. Количественная генетика и селекционные индексы. Моделирование генотипических и фенотипических характеристик. ПКос-3, ПКос-4	Использование геномных карт и межвидовых карт. Количественная генетика и селекционные индексы. Моделирование генотипических и фенотипических характеристик. ПКос-3, ПКос-4

- 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 контролльному мероприятию (текущий контроль)**
- Устный опрос**
- Генетические макромолекулы: ДНК, РНК и белки: структура, функции, компьютерное представление.
 - Организация геномов про- и эукариот.
 - Системная биология: от молекулярным ансамблем и функциональным сетям. Метаболические сети. Экспрессия генов, генные сети.
 - Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных в биоинформатике.
 - Методы онтологического моделирования.
 - Методы структурной и функциональной аннотации геномных последовательностей.
 - Методы выравнивания последовательностей.
 - Быстрый поиск последовательностей в банках данных.
 - Алгоритмы BLAST, BLAT, SSAHA.
 - Ассемблирование геномов.
 - Компьютерная протеомика: молекулярный дизайн, моделирование и анализ эволюции белков;
 - Алгоритмы анализа структур белковых макромолекул и предсказания их функций.
 - Сравнение пространственных структур белков.
 - Предсказание и моделирование пространственных структур белков.
 - PDB. Структура записи PDB.
 - Предсказание параметров спирали ДНК.
 - Предсказание и представление вторичной структуры РНК. Минимизация энергии вторичной структуры (динамическое программирование).
 - Основы структур баз данных (записи, поля, объекты). Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые).

5. Образовательные технологии

Таблица 6

Наименование активных и интерактивных образовательных технологий

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

19.Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB.

20.Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.д. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).

21.Метаболические базы данных. Генетические банки (физические карты). Специализированные банки данных.

22.Фолдинг и его распознавани

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

24.Функциональные особенности основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn), белковые (blastp, cdart, gtblast, 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, ре-комбинации, инверсии, транспозиции, 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 понятий ДНК, РНК.

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

3. Методы анализа генома растений.

4. Типы эпигенетических механизмов регуляции.

Вариант 2

7. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом.

8. Определение понятий ДНК, РНК, ген, геном, транскрипт.

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. Микроципы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов.

Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (экзамен)

1. Определение понятий ДНК, РНК.

2. Определение понятий ген, геном, транскриптом.

3. Геном растения: ядерный, митохондриальный, пластом.

4. Роль биоинформатики в селекционной работе.

5. Основные задачи и проблемы в селекционной биоинформатике.

6. Структура генома растений: организация генетического материала, особенности строения хромосом.

7. Различные типы геномов растений.

8. Методы исследования генома растений.

9. Транскрипция. Методы анализа транскриптома.

10. Эпигенетическая регуляция генома растений.

11. Типы эпигенетических механизмов регуляции.

12. Роль эпигенетической регуляции в развитии растений и адаптации к окружающей среде.

13. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ .

14. Модель данных NCBI, основа формирования данных.

15. Форматы представления данных.

16. Особенности представления данных в базах данных.

17. Основные биоинформационные базы данных

18. Геномные браузеры

19. Базы данных по экспрессии генов.

20. Выравнивания последовательностей.

21. Цели и типы выравниваний.

22. Парное выравнивание.

23. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).

24. Принципы выравнивания последовательностей.

25. Понятие 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. Алгоритмом Нильсмана-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, Proacons.
41. MUSCLE, T-Coffee.
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 суперсемейств PfAM.
47. Методы секвенирования ДНК.
48. Методы секвенирования RNA.
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. Картрирование 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. Расшифровка 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 гомологии.
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	0-4	5-6	7-8	9-10
Контрольная работа	0-8	9-13	14-17	18-20
Экзамен	Нед.	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 занятых.

Максимальное число баллов – 100

Для допуска к сдаче зачета с оценкой по дисциплине необходимо:

- фактический рейтинг 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 %
Менее 60 %

Удовлетворительно
Неудовлетворительно

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

- Смиряев А. В. Основы биоинформатики : учебное пособие для подготовки магистров по напр. "Агрономия": молекулярная генетика; математическое моделирование; информатика / А. В. Смиряев, Л. К. Панкина ; Московская сельскохозяйственная академия им. К. А. Тимирязева. - М. : МСХА, 2008. - 102 с.
- Компо, Ф. Алгоритмы биоинформатики / Ф. Компо, П. Певзнер ; перевод с английского И. Л. Лоско. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 682 с. — ISBN 978-5-93700-175-7. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/314972>
- 7.2 Дополнительная литература
- Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н.Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 1 — 2019. — 135 с. — ISBN 978-5-98591-145-9 — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/138707>
- Котиков, П. Е. Анализ данных : учебно-методическое пособие / П. Е. Котиков. — Санкт-Петербург : СПбГПУ, 2019. — 48 с. — ISBN 978-5-90718446-6. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/174498>
- Кузмин, В. И. Методы анализа данных : учебное пособие / В. И. Кузмин, А. Ф. Гадзюв. — 2-е изд., перераб. и доп. — Москва : РГУ МИРЭА, 2020. — 155 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/171433>
- Пильнев, В. В. Основы селекции и семеноводства / В. В. Пильнев, А. Н. Березкин ; Под ред.: Пильnev В. В.. — 2-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2024. — 216 с. — ISBN 978-5-507-45402-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/267383>
- Общая селекция растений / Ю. Б. Коновалов, В. В. Пильнев, Т. И. Хупанина, В. С. Рубец. — 5-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2024. — 480 с. — ISBN 978-5-507-45373-3. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/282386>

9. Перечень программного обеспечения и информационных справочных систем

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				

Таблица 8

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

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

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> (открытый доступ)

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

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

8. Базы данных Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервере ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарского Института Геномики и протеомики SIB - <http://www.expasy.org/uniprot> (открытый доступ)

9. База данных САTH Protein Structure Classification - <http://www.cathdb.info/> (открытый доступ)

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.icb.ru> (открытый доступ)

13. Практическая молекулярная биология – <http://molbiol.edu.ru> (открытый доступ)

14. База данных геномов растений - <https://www.plantfdb.org/>

15. Сервер Центра моделирования молекул Национального Института Здоровья NIH, США – <http://cmmi.info.nih.gov/modeling> (открытый доступ)

10. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине

Процесс изучения дисциплины обеспечен аудиторией, оборудованной персональными компьютерами, мультимедийными средствами для демонстрации презентаций и доступом к информационно-телекоммуникационной сети

Таблица 9
**Сведения об обеспеченности специализированными аудиториями, ка-
бинетами, лабораториями**

Наименование специальных помещений и помещений для самостоятельной работы (№ учебного кор- пуса, № аудитории)	Оснащенность специальных помещений и по- мещений для самостоятельной работы**
Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова. Читальные залы библио- теки	Столы, стулья, учебная литература
Общежитие №5 Комната для самоподго- товки	Столы, стулья

на практических занятиях, разбора конкретных ситуаций и интерактивного об-
суждения результатов исследовательских учебных работ. Реализация современ-
ного подхода должна обеспечиваться широким использованием активных интер-
активных форм проведения занятий, посещение профильных научно-исследова-
тельных учреждений и повысить интерес к изучению дисциплины. Задачей пре-
подавателя является приведение максимального количества позитивных приме-
ров учреждений и специалистов добившихся высоких результатов в своих отрас-
лях биотехнологии, для стимулирования интереса студентов к углубленному
изучению данных дисциплин.

Программу разработал (и):

Лисовая Д.Д., ассистент

11. Методические рекомендации студентам по освоению дисциплины

Основной объем материала студенту необходимо освоить самостоятельно
в соответствии с темами для самостоятельный подготовки из таблицы 5. Студен-
там должны соблюдать дисциплину, вовремя приходить на занятия, предо-
ставлять на проверку домашнюю работу, готовиться к проверочным и контролль-
ным работе, предусмотренным курсом, проявлять активность на занятиях. Важ-
ное место в образовательном процессе занимает самостоятельная работа студен-
тов. Для организации самостоятельной работы студентов по курсу используются
современные информационные технологии: размещенные в сетевом доступе
комплексы учебных и учебно-методических материалов (программа, список ре-
комендуемой литературы и информационных ресурсов, задания для само-
контроля), 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 пред-
мета необходимо периодически организовывать обсуждения и дискуссии по те-
мам 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 профессио-
нальной деятельности.

При преподавании курса необходимо ориентироваться на современные об-
разовательные технологии путем использования группового способа обучения

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 рецензента Монахоса Григория Федоровича заверяю