



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)

ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ЦЕНТР КОМПЕТЕНЦИЙ

УТВЕРЖДАЮ

Первый проректор -
проректор по учебной работе



Е.В. Хохлова

«~~20~~» мая 2026 г.

ПРОГРАММА ПОВЫШЕНИЯ КВАЛИФИКАЦИИ

ЦИФРОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ

Москва, 2026

РАЗДЕЛ 1. ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОГРАММЫ

1.1. Цель реализации программы

Приобретение новых профессиональных компетенций слушателями в областях молекулярной биологии, генетики и биоинформатики, связанных с молекулярной и геномной селекцией сельскохозяйственных растений.

Совершенствуемые и приобретаемые компетенции и планируемые результаты обучения

Программа повышения квалификации разработана в соответствии с требованиями: приказ № 563н от 14.10.2024 «Об утверждении профессионального стандарта "Специалист по семеноводству, селекции и генетике в растениеводстве" и ФГОС ВО по направлению подготовки 35.03.04 «Агрономия», утвержденного приказом Минобрнауки России от 04.12.2015 № 1431.

№	Приобретаемые новые профессиональные компетенции	Код компетенции	Знать/Уметь:
1.	Способен проводить молекулярно-генетический анализ растений с использованием современных методов генотипирования (SNP-маркеры, NGS, ПЦР-РВ) для целей маркер-опосредованной селекции (MAS).	ПК-2 (в соответствии с ФГОС ВО 35.03.04 «Агрономия») и трудовые функции А/02.6, D/02.6, D/01.6 (Профстандарт № 563н)	<p>Знать: типы молекулярных маркеров (SSR, SNP, KASP); принципы полимеразной цепной реакции (ПЦР) и ПЦР в реальном времени (Real-time PCR); методы выделения тотальной ДНК из растительного материала (СТАВ, колонки, магнитные шарики); критерии оценки качества ДНК (NanoDrop, Qubit, электрофорез); принципы подготовки библиотек для NGS (WGS, RAD-seq, GBS); параметры дизайна праймеров (Tm, GC-состав, специфичность).</p> <p>Уметь: разрабатывать и верифицировать праймеры для SNP-маркеров с использованием онлайн-инструментов (Primer3Plus, PrimerBLAST); оценивать качество выделенной ДНК и выбирать оптимальный метод экстракции для конкретного растительного объекта; интерпретировать кривые амплификации и пороговые циклы (Ct) в ПЦР-РВ; выбирать платформу генотипирования (KASP, микрочипы, WGS) в зависимости от селекционной задачи; анализировать результаты электрофоретического разделения продуктов амплификации.</p>

2.	<p>Способен применять биоинформатические методы и технологии машинного обучения для обработки геномных данных, проведения полногеномного анализа ассоциаций (GWAS) и геномной селекции (GS) в селекционных программах.</p>	<p>ОПК-1 (в соответствии с ФГОС ВО 35.03.04 «Агрономия») и трудовые функции А/01.6, А/02.6 (Профстандарт № 563н)</p>	<p>Знать: структуру и форматы геномных данных (FASTQ, VCF); основные этапы биоинформатического пайплайна обработки NGS-данных (контроль качества, тримминг, картирование на референсный геном, вызов вариантов, фильтрация SNP); параметры фильтрации SNP (QUAL, MAF, процент пропусков, HWE); принципы неравновесия по сцеплению (LD); статистические модели GWAS (GLM, MLM, FarmCPU, BLINK); методы коррекции на множественные сравнения (Bonferroni, FDR); модели геномной селекции (GBLUP, BayesA/B/C, Bayesian LASSO, Random Forest, Gradient Boosting); принципы G×E-взаимодействия.</p> <p>Уметь: запускать базовый биоинформатический пайплайн (FASTQ → VCF) с использованием стандартных инструментов (FastQC, Trimmomatic, BWA, GATK); применять фильтры к SNP-данным и проводить аннотацию вариантов (SnpEff); строить и интерпретировать Manhattan plot и QQ-plot; проводить полный цикл GWAS с идентификацией кандидатных генов; строить прогностические модели GS, проводить кросс-валидацию и оценивать точность предсказаний (корреляция, RMSE); рассчитывать GEBV (геномную прогнозируемую племенную ценность); моделировать G×E-взаимодействие и давать рекомендации по районированию сортов.</p>
3.	<p>Способен использовать методы высокопроизводительного фенотипирования (НТР) и искусственного интеллекта для автоматизированного анализа морфометрических и физиологических признаков растений в селекционных программах.</p>	<p>ПК-5 (в соответствии с ФГОС ВО 35.03.04 «Агрономия») и трудовая функция А/01.6 (Профстандарт № 563н)</p>	<p>Знать: современные платформы высокопроизводительного фенотипирования (RGB, мультиспектральная съемка, тепловидение); методы сегментации и извлечения признаков из фенотипических изображений; алгоритмы машинного обучения для классификации и прогноза фенотипических признаков.</p> <p>Уметь: обрабатывать фенотипические изображения растений с использованием специализированного ПО (PlantCV, ImageJ); сравнивать эффективность ручного и</p>

			автоматизированного фенотипирования; интегрировать данные фенотипирования с геномными данными для построения прогностических моделей; использовать нейросетевые алгоритмы для сегментации и подсчета признаков растений.
4.	Способен разрабатывать стратегии маркер-опосредованного отбора (MAS), контролировать сортовую чистоту и подлинность семян, а также проводить детекцию генно-инженерно-модифицированных организмов (ГМО) с использованием молекулярно-генетических методов.	ПК-2 (в соответствии с ФГОС ВО 35.03.04 «Агрономия») и трудовые функции В/02.6, Д/02.6 (Профстандарт № 563н)	Знать: схемы маркер-опосредованного беккроссирования, интрогрессии и пирамидирования генов; нормативные правовые акты в области семеноводства и оборота ГМО в Российской Федерации; методы детекции ГМО (качественная и количественная ПЦР-РВ); принципы разработки сортоспецифичных маркеров для контроля подлинности семян. Уметь: разрабатывать стратегию MAS для конкретного сорта и хозяйственно-ценного признака; подбирать панели маркеров для контроля сортовой чистоты; интерпретировать результаты ГМО-детекции (расчет Ct, пороговые значения); переводить маркеры в форматы для рутинного анализа (KASP/TaqMan); рассчитывать экономическую эффективность внедрения молекулярно-генетического контроля качества семян по сравнению с полевым апробированием; оформлять протоколы внутрилабораторного контроля качества семян.

РАЗДЕЛ 2. СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ

2.1. Учебный план программы повышения квалификации «Цифровые технологии селекции растений»

Категория слушателей: Селекционеры, имеющие опыт работы в молекулярно-генетической лаборатории, высшее профессиональное образование в области агрономии, садоводства, молекулярной генетики, селекции растений и желающие познакомиться и освоить: выделение ДНК из сельскохозяйственных культур, метод ПЦР и RT-ПЦР для проведения маркер-опосредованной селекции, основы биоинформатики и статистики, необходимые для подбора праймеров, разработке новых генетических маркеров, обработки результатов, полученных как в ходе генотипирования, так и секвенирования образцов методами NGS, общие представления о работе с «большими данными» и принципами машинного обучения.

Форма обучения: заочная (с использованием ДОТ)

Режим занятий: 7-8 часов в день, 5 раз в неделю

Срок освоения: 11 дней

Трудоемкость программы: 36 академических часа

№	Наименование разделов, тем	Всего ак. часов	В том числе			Формы аттестации, контроля
			Сам. работа	Лекции	Практ. занятия	
1	Раздел 1. Раздел 1. Современные платформы генотипирования и высокопроизводительное фенотипирование	17	6	5	6	тестирование
2	Раздел 2. Биоинформатический анализ и геномная селекция	18	7	5	6	тестирование
3	Итоговая аттестация	1	1			Зачёт, итоговая аттестация осуществляется на основании совокупности выполненных практических работ и итогового тестирования
Итого, ак. час.		36	14	10	12	

2.2. Учебно-тематический план программы повышения квалификации

Учебно-тематический план дисциплины «Цифровые технологии селекции растений»

Наименование тем	Виды учебных занятий (количество ак. часов)	Содержание	Планируемый результат
Тема 1. Тенденции мирового рынка семян и платформы генотипирования	Лекция 1 (2 часа)	Макроэкономический фон, рост населения и спрос на продовольствие. Технологии генотипирования (SNP-маркеры). Сравнение платформ: KASP, микрочипы, WGS. Маркер-опосредованный отбор (MAS).	Знает современные тенденции рынка семян. Умеет сравнивать платформы генотипирования для селекционных задач.

Наименование тем	Виды учебных занятий (количество ак. часов)	Содержание	Планируемый результат
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Разбор кейсов: выбор платформы генотипирования под задачу. Расчёт стоимости и времени анализа.	Умеет обоснованно выбирать платформу генотипирования.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Анализ открытых данных мирового рынка семян. Подготовка отчёта по трендам.	Владеет навыками анализа рыночной информации.
Тема 2. Основы молекулярной биологии в селекции	Лекция 1 (2 часа)	Структура ДНК, ген, аллель, локус. Типы изменчивости: SNP, INDEL, CNV, SV. QTL vs ген. SNP vs QTL. Маркер, тег-SNP, LD. Менделевские и количественные признаки. GxE-взаимодействие.	Знает типы генетической изменчивости, различия между SNP, QTL и геном, принципы LD.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Определение типов мутаций по секвенсным данным. Расчёт LD на реальных SNP-наборах.	Умеет интерпретировать GxE-взаимодействие и LD.
	Самостоятельная работа (1 час)	Поиск в литературе примеров QTL для хозяйственно-ценных признаков.	Владеет навыками работы с генетическими базами данных.
Тема 3. Высокопроизводительное фенотипирование и искусственный интеллект	Лекция 1 (2 часа)	Переход от традиционного к высокопроизводительному фенотипированию. Анализ сортов, адаптивность, стабильность признаков. Интеграция ИИ для автоматического фенотипирования.	Умеет применять методы высокопроизводительного фенотипирования.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Работа с изображениями растений (RGB, мультиспектральные). Применение нейросетей для сегментации и подсчёта признаков.	Умеет использовать алгоритмы ИИ для анализа фенотипических данных.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Настройка простого пайплайна фенотипирования на бесплатных данных.	Владеет основами работы с ИИ-инструментами.
Тема 4. Высокопроизводительное секвенирование (NGS)	Лекция 1 (2 часа)	Подготовка биоматериала, экстракция ДНК (СТАВ, колонки, магнитные шарики, роботы). Контроль качества. Подготовка библиотек.	Знает принципы работы NGS-платформ, методы подготовки библиотек.

Наименование тем	Виды учебных занятий (количество ак. часов)	Содержание	Планируемый результат
		Платформы: WGS, RAD-seq, GBS, SNPseq, Liquid Chip. Поточность (Illumina, PacBio, Nanopore).	
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Оценка качества ДНК (NanoDrop, Qubit, электрофорез). Выбор протокола секвенирования под задачу.	Умеет оценивать качество ДНК и выбирать оптимальный метод секвенирования.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Сравнение стоимости и времени разных NGS-подходов.	Владеет расчётом экономической эффективности NGS.
Тема 5. Применение в промышленности: от лабораторных исследований до коммерческого качества семян	Лекция 1 (2 часа)	Контроль качества семян: подлинность и чистота. Маркер-опосредованное беккроссирование, интрогрессия, пирамидирование. Детекция ГМО и редактированных культур.	Знает методы проверки подлинности семян, детекции ГМО.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Разработка стратегии MAS для конкретного сорта. Подбор маркеров под контроль чистоты.	Умеет планировать стратегию MAS отбора образцов.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Разбор нормативных требований по ГМО в РФ и мире.	Владеет юридическими аспектами генотипирования.
Тема 6. Дизайн и разработка молекулярных маркеров	Лекция 1 (2 часа)	Типы маркеров: SSR, SNP, KASP. Дизайн праймеров: Tm, GC-состав, специфичность. Мультиплексные панели. Верификация маркера. Перевод в KASP/TaqMan.	Знает принципы контроля качества семян с использованием маркеров.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Дизайн праймеров для заданного SNP в биоинформатических программах. Проверка на димеры.	Умеет разрабатывать и верифицировать молекулярные маркеры.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Валидация маркера на открытых NGS-данных.	Владеет переводом маркеров в форматы для рутинного анализа.
Тема 7. Ядро	Лекция 1 (2 часа)	GWAS: генотипирование,	Знает

Наименование тем	Виды учебных занятий (количество ак. часов)	Содержание	Планируемый результат
биоинформатики (I): Расшифровка сложных признаков с помощью GWAS		коррекция структуры популяции, поиск генов-кандидатов. Примеры для пшеницы, риса. Манхэттен-плоты.	статистические модели GWAS, умеет корректировать на структуру популяции.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Запуск GWAS на демо-данных. Интерпретация Manhattan plot, QQ-plot.	Умеет проводить полный цикл GWAS и интерпретировать результаты.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Поиск генов-кандидатов в значимых регионах.	Владеет аннотацией GWAS-результатов.
Тема 8. Майнинг полиморфизма (поиск SNP)	Лекция 1 (2 часа)	Пайплайн FASTQ → VCF: контроль качества, тримминг, картирование, коллинг вариантов, аннотация. Фильтрация SNP: QUAL, MAF, HWE. Импутация, LD-pruning.	Умеет запускать базовый пайплайн обработки NGS-данных.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Обработка реальных NGS-ридов до VCF. Применение фильтров.	Умеет фильтровать SNP, проводить аннотацию и готовить данные для GWAS.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Написание простого скрипта для фильтрации VCF.	Владеет основами работы с командной строкой в биоинформатике.
Тема 9. Ядро биоинформатики (II): изменение коммерческой селекции с помощью геномного отбора (GS)	Лекция 1 (2 часа)	Геномный отбор (GS): сокращение циклов размножения. Модели: GBLUP, машинное обучение. Прогноз селекционной ценности (GEBV).	Знает основные модели GS и принципы их обучения.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Построение модели GS на реальных данных. Оценка точности (корреляция, RMSE).	Умеет строить прогностические модели, оценивать их точность.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Сравнение GBLUP и Random Forest для одного набора данных.	Владеет применением GS для отбора генотипов.
Тема 10. Биоинформатика и GWAS	Лекция 1 (2 часа)	Матрица генотипов, фенотипов, ковариаты, матрица родства. Модели GWAS: GLM, MLM, FarmCPU, BLINK,	Знает, что такое GWAS, его модели и виды выходных данных.

Наименование тем	Виды учебных занятий (количество ак. часов)	Содержание	Планируемый результат
		GEMMA. Корректировка на множественные сравнения (Bonferroni, FDR).	
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Построение Manhattan plot и QQ-plot. Постпроцессинг: аннотация регионов, оценка эффекта маркера.	Умеет проводить анализ модели GWAS, строить Manhattan plot, аннотировать регионы.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Интерпретация результатов GWAS для публикации.	Владеет критическим анализом GWAS-статей.
Тема 11. Моделирование фенотипа	Лекция 1 (2 часа)	Genomic Selection (GS): GEBV. Модели: GBLUP, BayesA/B/C, Bayesian LASSO, Random Forest, Gradient Boosting, нейросети. GxE-моделирование.	Знает модели GS, методы оценки точности, принципы G×E.
	Практическая работа № 1 (2 часа)	Прогноз продуктивности гибридов. Подбор родительских пар. Моделирование новых сортов in silico.	Умеет строить модели, проводить кросс-валидацию, интерпретировать метрики.
	Самостоятельная работа (2 часа)	Разработка виртуального селекционного эксперимента с использованием GS.	Владеет моделированием новых сортов под целевые условия.

Раздел 3. ФОРМЫ АТТЕСТАЦИИ И ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Входное тестирование

Форма проведения	Заочно
Виды оценочных материалов	Тест из 10 заданий в электронной форме (Приложение 1)
Критерии оценивания	Не предусмотрено (тестирование проводится с целью определения уровня владения материалом)
Оценка	Не предусмотрено (тестирование проводится с целью определения уровня владения материалом)

Текущий контроль

Текущий контроль осуществляется в процессе выполнения слушателями системы практических и самостоятельных работ.

Практические работы по разделу 1. Современные платформы генотипирования и высокопроизводительное фенотипирование

Название	Практическая работа №1. Анализ платформ генотипирования и проектирование панели маркеров
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Сравнительный анализ платформ генотипирования (KASP, микрочипы, WGS) для решения конкретной селекционной задачи (на примере культуры и целевого признака). 2. Проектирование панели SNP-маркеров с использованием онлайн-инструментов (Primer3Plus, PrimerBLAST) с учетом параметров Tm, GC-состава, специфичности. 3. Оценка совместимости праймеров для мультиплексной ПЦР (отсутствие димеров, схожая Tm). 4. Составление протокола верификации разработанных маркеров на референсной коллекции.
Критерии оценивания	<p>Зачтено – слушатель выполнил все этапы работы, обосновал выбор платформы генотипирования, разработал панель маркеров, соответствующую заданным параметрам.</p> <p>Не зачтено – задания не выполнены или выполнены не в полном объеме.</p>
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №2. Основы молекулярной биологии и интерпретация G×E-взаимодействия
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Анализ предоставленных SNP-данных: идентификация типов полиморфизмов (SNP, INDEL, CNV, SV) на тестовых последовательностях. 2. Расчет неравновесия по сцеплению (LD) между маркерами в заданном

Название	Практическая работа №1. Анализ платформ генотипирования и проектирование панели маркеров
	регионе генома. 3. Интерпретация результатов G×E-взаимодействия на основе предоставленных полевых данных (урожайность сортов в разных эколого-географических зонах). 4. Построение графиков стабильности признаков (biplot, анализ Шукулы).
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель правильно идентифицировал типы полиморфизмов, выполнил расчет LD, интерпретировал G×E-эффекты и предложил селекционные рекомендации. Не зачтено – задания не выполнены.
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №3. Высокопроизводительное фенотипирование с использованием методов ИИ
Структура и содержание	1. Знакомство с программным обеспечением для анализа фенотипических изображений (например, PlantCV, ImageJ, или специализированные онлайн-платформы). 2. Обработка предоставленных изображений растений (сегментация, извлечение морфометрических признаков: высота, площадь листьев, окраска). 3. Сравнение ручного и автоматизированного фенотипирования (оценка точности и временных затрат). 4. Подготовка отчета по результатам фенотипирования для селекционной программы.
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель освоил базовые инструменты высокопроизводительного фенотипирования, провел анализ изображений, представил отчет. Не зачтено – задания не выполнены.
Оценка	Зачтено/не зачтено

Практические работы по разделу 2. Биоинформатический анализ и геномная селекция

Название	Практическая работа №4. Подготовка образцов и контроль качества ДНК для NGS
Структура и содержание	1. Анализ предоставленных данных контроля качества ДНК (спектрофотометрия NanoDrop, флуориметрия Qubit, электрофорез в агарозном геле). 2. Оценка чистоты и целостности ДНК, расчет индекса DIN. 3. Выбор оптимального метода экстракции ДНК для конкретного растительного объекта (например, для образцов с высоким содержанием вторичных метаболитов). 4. Заполнение протокола подготовки библиотек для секвенирования (выбор платформы NGS, фрагментация, лигирование адаптеров).

Название	Практическая работа №4. Подготовка образцов и контроль качества ДНК для NGS
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель правильно оценил качество ДНК, обосновал выбор метода экстракции и платформы секвенирования. Не зачтено – задания не выполнены.
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №5. Запуск биоинформатического пайплайна обработки NGS-данных (FASTQ → VCF)
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Загрузка тестовых FASTQ-файлов (или использование предоставленных готовых данных). 2. Контроль качества ридов с использованием FastQC, визуализация отчетов MultiQC. 3. Тримминг адаптеров и низкокачественных позиций (Trimmomatic/fastp). 4. Картирование на референсный геном (BWA) и маркировка ПЦР-дубликатов. 5. Вызов вариантов (GATK HaplotypeCaller) и объединение VCF-файлов. 6. Фильтрация SNP по качеству (QUAL, DP, GQ, MAF, процент пропусков). 7. Аннотация вариантов с использованием SnpEff (определение эффекта на белок).
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель успешно запустил базовый пайплайн, получил отфильтрованный VCF-файл и выполнил аннотацию вариантов. Не зачтено – пайплайн не выполнен или результаты не соответствуют ожидаемым.
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №6. Проведение полногеномного анализа ассоциаций (GWAS)
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Подготовка входных данных: матрица генотипов (из VCF), матрица фенотипов, ковариаты (структура популяции PCA, матрица родства kinship). 2. Проведение GWAS с использованием моделей GLM и MLM (с учетом kinship) в программах TASSEL, GAPIT или R/PLINK. 3. Корректировка на множественные сравнения (Bonferroni, FDR). 4. Построение Manhattan plot и QQ-plot, интерпретация графиков. 5. Аннотация значимых SNP-регионов: поиск кандидатных генов, колокализация с известными QTL. 6. Формулировка вывода о генетической архитектуре анализируемого признака.
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель провел полный цикл GWAS, правильно интерпретировал результаты и идентифицировал кандидатные гены/регионы. Не зачтено – анализ не выполнен или результаты интерпретированы неверно.
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №7. Построение моделей геномной селекции (GS)

Название	Практическая работа №4. Подготовка образцов и контроль качества ДНК для NGS
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Подготовка тренировочной (training set) и тестовой выборок из предоставленных геномных и фенотипических данных. 2. Построение модели GBLUP с использованием матрицы геномного родства (G-матрица) в R (пакеты rrBLUP, sommer). 3. Построение альтернативных моделей: Bayesian (BGLR) или машинное обучение (Random Forest, XGBoost). 4. Проведение кросс-валидации (k-fold, 5 или 10). 5. Оценка точности предсказания (корреляция между GEBV и наблюдаемым фенотипом, RMSE). 6. Сравнение эффективности разных моделей и выбор оптимальной для заданного признака.
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель построил и оценил минимум две модели GS, провел кросс-валидацию, интерпретировал метрики точности. Не зачтено – модели не построены или оценка не проведена.
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №8. Моделирование G×E-взаимодействия и прогноз фенотипа
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Анализ предоставленных многосредовых данных (генотипы × фенотипы × среды). 2. Построение G×E-моделей с включением средовых факторов как ковариат. 3. Прогноз фенотипической стабильности сортов в разных эколого-географических зонах («районирование»). 4. Моделирование оптимальной агротехнологии для заданного генотипа на основе предсказанных G×E-эффектов. 5. Подготовка рекомендаций по подбору родительских пар на основе прогноза продуктивности гибридов F1/F8.
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель правильно построил G×E-модели, интерпретировал результаты и дал практические рекомендации. Не зачтено – задание не выполнено.
Оценка	Зачтено/не зачтено
Название	Практическая работа №9. Дизайн маркеров и контроль коммерческого качества семян
Структура и содержание	<ol style="list-style-type: none"> 1. Разработка панели сортоспецифичных маркеров для контроля подлинности семян на основе предоставленных SNP-данных. 2. Перевод маркеров в формат KASP/TaqMan (подбор зондов/праймеров). 3. Анализ тестовых данных детекции ГМО (интерпретация qPCR-кривых, расчет пороговых циклов Ct). 4. Подготовка протокола внутрилабораторного контроля качества семян (от приема образца до выдачи заключения о сортовой чистоте). 5. Расчет экономической эффективности внедрения маркер-опосредованного

Название	Практическая работа №4. Подготовка образцов и контроль качества ДНК для NGS
	контроля по сравнению с полевым апробированием.
Критерии оценивания	Зачтено – слушатель разработал панель маркеров, интерпретировал результаты ГМО-детекции и подготовил протокол контроля качества. Не зачтено – задания не выполнены.
Оценка	Зачтено/не зачтено

Итоговое тестирование

Форма проведения	Очно
Виды оценочных материалов	Тест из 30 заданий в электронной форме (Приложение 2)
Критерии оценивания	1 – правильный ответ; 0 – неправильный ответ. «Зачтено» выставляется слушателям, если они набрали 15 и более баллов
Оценка	Зачтено/не зачтено

Итоговая аттестация

Форма итоговой аттестации	Зачет как совокупность выполненного итогового теста и практических работ
Требования к итоговой аттестации	Выполнение итогового теста и практических работ в соответствии с требованиями к каждой из работ
Критерии оценивания	Слушатель считается аттестованным при положительном оценивании практических работ и итогового тестирования
Оценка	Зачтено/не зачтено

Раздел 4. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКИЕ УСЛОВИЯ РЕАЛИЗАЦИИ ПРОГРАММЫ

Наименование специализированных аудиторий, кабинетов, лабораторий	Вид занятий	Наименование оборудования, программного обеспечения
1	2	3
Аудитория	Лекции	мультимедийное оборудование (компьютер, интерактивная доска, мультимедиапроектор, WiFi и пр.)
LMS Moodle ФГБОУ ВО РГАУ - МСХА имени К.А. Тимирязева	Практическое занятие	sdo.timacad.ru; доступ в сеть Интернет, компьютеры и программное обеспечение, поддерживающее работу сайта.

Раздел 5. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ПРОГРАММЫ

Основная литература:

1. Антао, Т. Биоинформатика с Python : руководство / Т. Антао ; перевод с английского И. Л. Люско. — Москва : ДМК Пресс, 2023. — 344 с. — ISBN 978-5-93700-201-3. <https://e.lanbook.com/book/455300>.
2. Н. А. Кутлунина, А. А. Ермошин. Молекулярно-генетические методы в исследовании растений. Учебно-методическое пособие. Екатеринбург, Издательство Уральского университета, 2017.
3. Худякова, Е. В. ЦИФРОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В АПК: учебник / Е. В. Худякова, М. Н. Степанцевич, М. И. Горбачев; рец.: Е. В. Попова, В. И. Меденников; Российский государственный аграрный университет - МСХА имени К. А. Тимирязева, Москва, 2022. — 220 с. — http://elib.timacad.ru/dl/full/s10012022TsT_v_APK.pdf.

Дополнительная литература:

1. Общая селекция растений: Учебник для ВУЗов. – М.: Изд-во РГАУ-МСХА имени К.А.Тимирязева. 2011. – 395 с. ISBN 978-5-8114-1387-4.
2. Часовских, Н. Ю. Практикум по биоинформатике : учебное пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, [б. г.]. — Часть 1 — 2019. — 125 с. — ISBN 978-5-98591-145-9. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/128707>

Раздел 6. ОЦЕНКА КАЧЕСТВА ОСВОЕНИЯ ПРОГРАММЫ

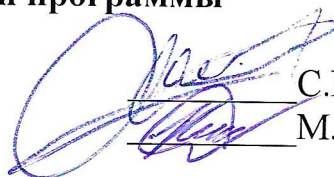
Оценка качества освоения программы осуществляется на основе результатов итоговой аттестации. Слушатель считается аттестованным, если имеет положительные оценки (от «15» до «30» баллов) выходного тестирования по всем разделам программы.

Раздел 7. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ, ИСПОЛЬЗУЕМЫЕ В ПРОЦЕССЕ РЕАЛИЗАЦИИ ПРОГРАММЫ

В программе используются: информационно-коммуникативные технологии (ИКТ), обеспечивающие активную информатизацию образовательного процесса, использование современных инструментов управления и организации обучения (открытый доступ к информации в Интернете, электронные гаджеты для учебы и т. д.); проектная технология, направленная на стимулирование интереса у учащихся через практическую реализацию теории, принятие самостоятельных решений и самостоятельного получения необходимых знаний; технология проблемного обучения с моделированием проблемных вопросов из профессиональной жизни, требующие для их решения командной работы; здоровьесберегающая технология, обеспечивающая безопасность образовательного процесса и условия для укрепления здоровья учащихся (положительный психологический климат, санитарные нормы и т. д.); кейс-технология основанная на методе обсуждения отдельных вопросов.

8. Составители программы

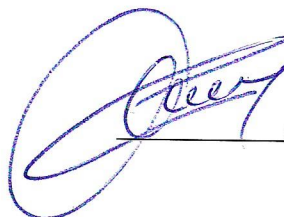
Доктор сельскохозяйственных наук,
профессор (раздел 1 темы 1-8)
Ассистент (раздел 2 темы 9-11)



С.Г. Монахов
М.А. Никитин

Разработана и утверждена на кафедре молекулярной селекции, клеточных технологий и семеноводства
Протокол №7 от «19» февраля 2026 г.

Зав. кафедрой



/С.Г.Монахов/

Согласовано:

Руководитель Федерального центра
компетенций



/Кузнецова С.В./

Образцы тестовых заданий входного тестирования

Маркер-опосредованная селекция растений:

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Типы молекулярных маркеров (SSR, RAPD, SCAR, SNP, AFLP):

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Геномная селекция:

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Методы выделения тотальной ДНК:

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Полимеразная цепная реакция

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике

3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Анализ результатов амплификации ДНК с использованием электрофоретического разделения продуктов амплификации

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Биоинформатика и биоинформатические методы:

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Молекулярно-генетические исследования в селекции растений

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Омиксные технологии

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе
2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Программное обеспечение для дизайна праймеров (Primer3Plus, PrimerBLAST)

1. Я знаком с данной темой и относящимися к ней методами, использую эти знания в практической работе

2. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Думаю, данная тема не имеет отношения к практике
3. Я изучал данную тему, но не использую в своей работе. Хочу освежить эту тему в памяти
4. Никогда не сталкивался с данной темой ни в теории, ни на практике

Приложение 2

Образцы тестовых заданий итогового тестирования

Какая химическая связь соединяет нуклеотиды в молекуле ДНК?

1. Водородная
2. Пептидная
3. Фосфодиэфирная (*правильно*)
4. Гликозидная

Какая температура обычно используется для денатурации ДНК в ПЦР?

1. 37°C
2. 95°C (*правильно*)
3. 55°C
4. 4°C

Какой фермента добавляется в реакцию ПЦР для синтеза новой цепи ДНК?

1. Рестриктаза
2. Лигаза
3. ДНК-полимераза (*правильно*)
4. Обратная транскриптаза

Что такое молекулярный маркер?

1. Участок ДНК, тесно связанный с геном, находящийся в некодирующей части ДНК (*правильно*)
2. Белок, кодируемый определенным геном
3. Морфологический признак растения
4. Метод выделения ДНК

Какие преимущества дает использование молекулярных маркеров в селекции растений по сравнению с традиционными методами?

1. Возможность оценки генетического разнообразия на ранних стадиях развития растения
2. Увеличение скорости селекции
3. Повышение точности селекции
4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какой параметр праймера определяет температуру отжига?

1. Длина праймера
2. Содержание GC-пар
3. Температура плавления
4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какие факторы влияют на эффективность ПЦР?

1. Концентрация праймеров
2. Температура отжига (*правильно*)
3. Концентрация ДНК-полимеразы
4. Длина ампликона

Для чего используется обратная транскрипция?

1. Синтез кДНК на матрице мРНК (*правильно*)
2. Амплификация ДНК
3. Рестрикция ДНК
4. Лигирование ДНК

Для чего используют молекулярные маркеры в селекции растений?

1. Определение генетического разнообразия
2. Идентификация сортов
3. Маркер-опосредованная селекция
4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какое преимущество молекулярных маркеров перед морфологическими признаками?

1. Не зависят от условий окружающей среды
2. Более информативны
3. Могут быть использованы на ранних стадиях развития растения
4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какие факторы могут влиять на качество выделенной из растений ДНК?

1. Тип растительной ткани
2. Метод выделения
3. Хранение образцов
4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какие из перечисленных типов молекулярных маркеров можно использовать для оценки генетического разнообразия растений?

1. SSR (*правильно*)
2. SNP (*правильно*)
3. AFLP
4. RAPD

Какие этапы включает в себя типичный протокол ПЦР?

1. Денатурация
2. Отжиг праймеров
3. Элонгация
4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какую особенность растительной ДНК необходимо учитывать при выделении?

1. Наличие большого количества вторичных метаболитов
2. Наличие жесткой клеточной стенки
3. Высокая степень метилирования ДНК

4. Все вышеперечисленное (*правильно*)

Какая основная разница между обычной ПЦР и Real-time PCR?

1. В Real-time PCR используется флуоресцентный краситель или зонд для мониторинга процесса амплификации в реальном времени. (*правильно*)
2. В Real-time PCR не используется термоциклер.
3. В Real-time PCR используется только одна пара праймеров.
4. В Real-time PCR не требуется этап денатурации

Что такое пороговый цикл (Ct) в Real-time PCR?

1. Количество циклов, необходимое для того, чтобы флуоресценция сигнала превысила заданный порог. (*правильно*)
2. Температура, при которой происходит денатурация ДНК.
3. Концентрация исходной ДНК.
4. Время, необходимое для одного цикла амплификации.

Для чего используется кривая плавления в Real-time PCR?

1. Для оценки специфичности амплификации
2. Для определения концентрации исходной ДНК
3. Для сравнения эффективности различных праймеров
4. Для всех перечисленных целей (*правильно*)

Какое из следующих утверждений верно описывает роль машинного обучения в геномной селекции растений?

1. Машинное обучение используется только для обработки изображений растений.
2. Машинное обучение помогает в предсказании генетических признаков на основе данных о ДНК. (*правильно*)
3. Машинное обучение не может быть применено к анализу геномных данных.
4. Машинное обучение используется только для классификации растений по их видам.

Какой метод машинного обучения часто применяется для анализа большой геномной информации?

1. Линейная регрессия
2. Метод ближайших соседей (k-NN)
3. Деревья решений и ансамблевые методы (например, Random Forest) (*правильно*)
4. Кластеризация с помощью алгоритма K-средних

Какой тип данных наиболее часто используется для обучения моделей машинного обучения в геномной селекции?

1. Нормализованные изображения растений
2. **Последовательности ДНК и геномные SNP-данные** (*правильно*)
3. Данные о погодных условиях
4. Экономические данные о продажах семян

Какую задачу решает машинное обучение в контексте геномной селекции?

1. Использование только фенотипических данных для отборки лучших сортов
2. Оптимизация сельскохозяйственных методов и технологий

3. Предсказание приверженности сортов к определенным условиям среды на основе генетических данных (правильно)
4. Разработка новых химических удобрений

Какова основная цель использования методов машинного обучения в геномной селекции?

1. Снижение затрат на семена
2. Ускорение процесса селекции и повышение точности предсказаний генетических признаков (правильно)
3. Увеличение площади сельскохозяйственных угодий
4. Улучшение эстетических качеств растений

Что такое биоинформатика в контексте селекции растений?

1. Научное направление, изучающее экономику сельского хозяйства
2. Использование вычислительных методов для анализа биологических данных, связанных с селекцией растений (правильно)
3. Искусство разведения растений для декоративных целей
4. Методы исследования почвы и климатических условий для повышения урожайности

Какой из следующих типов данных является основной частью биоинформатики в селекции растений?

1. Данные о температуре воздуха
2. Геномные и транскриптомные данные растений (правильно)
3. Информация о потреблении воды
4. Данные о продажах сельскохозяйственной продукции

Какой метод анализа данных часто используется в биоинформатике для выявления генетических маркеров растений?

1. Обычная статистика
2. Нейронные сети
3. Филогенетический анализ (правильно)
4. Геномное секвенирование

Какова основная цель применения биоинформатических инструментов в селекции растений?

1. Увеличение площади под сельскохозяйственными культурами
2. Оптимизация процессов размножения растений
3. Ускорение и снижение затрат на отбор и развитие новых сортов растений (правильно)
4. Улучшение дизайна упаковки для семян

Какую роль играет геномное секвенирование в биоинформатике для селекции растений?

1. Оно позволяет только хранить данные о растениях.
2. Оно используется для создания новых химических удобрений.
3. Оно позволяет идентифицировать и анализировать гены, отвечающие за важные селекционные признаки. (правильно)
4. Оно не имеет применения в селекции растений.

Какую функцию используется для вывода текста на экран в Python?

1. print() (правильно)

2.output()

3.echo()

4.display()

Что будет результатом выполнения следующего кода?

```
x = 10
y = 5
result = x + y
print(result)
```

1.15 (правильно)

2.105

3.'10' + '5'

4.Ошибка выполнения

Какой тип данных в Python используется для хранения последовательности символов?

1.integer

2.float

3.string (правильно)

4.boolean

Какой оператор используется в Python для сравнения двух значений на равенство?

1.=

2.==

3.===

4.:=

Каким образом в Python создаются списки?

1.Списки создаются с помощью фигурных скобок {}

2.Списки создаются с помощью квадратных скобок (правильно)

3.Списки создаются с помощью круглых скобок ()