

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«ВОРОНЕЖСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
ИМЕНИ ИМПЕРАТОРА ПЕТРА I»
ПЕРЕДОВАЯ ИНЖЕНЕРНАЯ ШКОЛА

УТВЕРЖДАЮ

И.о. руководителя Передовой
инженерной школы
Артемов Е.С.
2023 г.



РАБОЧАЯ ПРОГРАММА

по дисциплине

Б1.В.ДЭ.07.02 БИОИНФОРМАТИКА В СЕЛЕКЦИОННЫХ ПРОГРАММАХ

Направление подготовки 35.04.04 Агрономия

Программа Селекционно-генетические методы улучшения растений

Квалификация выпускника Магистр

Передовая инженерная школа

Разработчик рабочей программы:

*Кандидат сельскохозяйственных наук,
доцент кафедры земледелия,
растениеводства и защиты растений*

Несмеянова Марина Анатольевна

Рабочая программа составлена в соответствии с Федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования по направлению подготовки 35.04.04. Агрономия и уровню высшего образования магистратура, утвержденного приказом Минобрнауки России от 26.07.2017 г., № 708

Рабочая программа рекомендована к использованию в учебном процессе методическим советом Университета (протокол № 9 от 19 июня 2023г.).

Секретарь методического Совета Университета  (Корнев А.С.)

Рецензент рабочей программы: исполнительный директор АО АПК «Агросоюз», кандидат сельскохозяйственных наук Колодяжный С.В.

1. Общая характеристика дисциплины

1.1. Цель дисциплины

Цель дисциплины – формирование у обучающихся представления о биоинформатике, о соответствующих вычислительных методах, об осуществлении экспериментальных работ по молекулярной биологии, биохимии, генетики, а также разработке алгоритмов компьютерного анализа данных геномики и протеомики, программ, позволяющих предсказывать пространственную структуру биополимеров; выработка способности проводить биотехнологические исследования в рамках селекционно-генетических программ, работать с биоинформационными средствами анализа геномной ДНК.

1.2. Задачи дисциплины

К основным задачам относятся:

- формирование знаний о принципах генетической инженерии и ее использовании в биотехнологии;
- формирования знания теоретических основ и основных современных методов фенотипического, биохимического и молекулярно-генетического маркерного анализа, применяемые в селекции сельскохозяйственных культур;
- формирования знания современных наукометрических, информационных, патентных и иных баз данных и знаний;
- формирования знания основных методов исследования биологических макромолекул и анализа биологических данных;
- формирование умения использования современной аппаратуры и оборудования для выполнения биологических лабораторных и научно-исследовательских работ;
- формирование умения использовать стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики;
- формирование умения проводить статистическую обработку экспериментальных данных в селекционно-ориентированных программах и интерпретировать результаты, полученные в ходе решения исследовательских задач;
- формирование умения прогнозировать результаты применения методов фенотипического и молекулярно-генетического маркерного анализа на основе характеристик исходного и перспективного селекционного материала, вовлекаемого в селекционный процесс;
- овладение методами систематизации, обработки и представления информации с использованием современных информационных ресурсов, научной, опытно-экспериментальной и приборной базы по тематике проводимых исследований;
- формирование навыков использования методов получения, хранения, переработки биологической информации;
- формирование навыков расчетов оптимальных параметров проведения анализа, систематизации и интерпретации данных биологических объектов, их корректирования.

1.3. Предмет дисциплины

Дисциплина реализует математические алгоритмы, связанные с биологическими объектами, применяет экспериментальные и расчетные данные физико-химической биологии, геномики и протеомики.

1.4. Место дисциплины в образовательной программе

Дисциплина Б1.В.ДЭ.07.02 «Биоинформатика в селекционных программах» относится к Блоку 1. Дисциплины, к Части, формируемой участниками образовательных отношений, является элективной дисциплиной.

1.5. Взаимосвязь с другими дисциплинами

Дисциплина «Биоинформатика в селекционных программах» взаимосвязана с дисциплиной «Управление селекционно-генетическими базами данных».

2. Планируемые результаты обучения по дисциплине

Компетенция		Планируемые результаты обучения	
Код	Содержание	Код	Содержание
ПК-2	Способен проводить генотипирование и фенотипирование селекционного материала, осуществлять генетическую паспортизацию селекционных достижений	<u>Обучающийся должен знать:</u>	
		ИД-1 _{ПК-2}	-современные наукометрические, информационные, патентные и иные базы данных и знаний
		<u>Обучающийся должен уметь:</u>	
		ИД-6 _{ПК-2}	-давать оценки коллекционному и селекционному материалу на основе знаний фенотипических и молекулярно-генетических методик маркерного анализа
		<u>Обучающийся должен иметь навыки и (или) опыт деятельности:</u>	
		ИД-8 _{ПК-2}	- владения методами систематизации, обработки и представления информации с использованием современных информационных ресурсов, научной, опытно-экспериментальной и приборной базы по тематике проводимых исследований
ПК-3	Способен работать с биоинформационными средствами анализа геномной ДНК	<u>Обучающийся должен уметь:</u>	
		ИД-9 _{ПК-3}	- использовать стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики
		<u>Обучающийся должен иметь навыки и (или) опыт деятельности:</u>	
		ИД-13 _{ПК-3}	- владения методами проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей
		ИД-14 _{ПК-3}	- владения правилами расчетов оптимальных параметров проведения анализа, систематизации и интерпретации данных биологических объектов, их корректирования
ПК-4	Способен управлять базами данных селекционно-генетических ресурсов	<u>Обучающийся должен знать:</u>	
		ИД-1 _{ПК-4}	- методы и технологии научной коммуникации на государственном и иностранном языках
		<u>Обучающийся должен уметь:</u>	
		ИД-5 _{ПК-4}	- проводить статистическую обра-

		ботку экспериментальных данных в селекционно-ориентированных программах и интерпретировать результаты, полученные в ходе решения исследовательских задач	
ПК-6	Способен проводить биотехнологические исследования в рамках селекционно-генетических программ	<u>Обучающийся должен знать:</u>	
		ИД-4 _{ПК-6}	- теоретические основы и основные современные методы фенотипического, биохимического и молекулярно-генетического маркерного анализа, применяемые в селекции сельскохозяйственных культур
		<u>Обучающийся должен уметь:</u>	
		ИД-5 _{ПК-6}	- проводить фенотипические и молекулярно-генетические маркерные анализы исходного и селекционного материала
		ИД-6 _{ПК-6}	- применять различные методы генетического маркерного анализа в селекции для создания новых сортов и гибридов сельскохозяйственных растений
		ИД-7 _{ПК-6}	- прогнозировать результаты применения методов фенотипического и молекулярно-генетического маркерного анализа на основе характеристик исходного и перспективного селекционного материала, вовлекаемого в селекционный процесс
		<u>Обучающийся должен иметь навыки и (или) опыт деятельности:</u>	
		ИД-9 _{ПК-6}	- владения методиками проведения фенотипического маркерного и гибридологического анализов, а также оценок и распознавания специфических селекционно-значимых признаков в условиях открытого и защищенного грунта
ИД-10 _{ПК-6}	-владения основными методами молекулярно-генетического анализа исходного и перспективного селекционно-значимого материала		

3. Объём дисциплины и виды работ

Виды работ	Всего	Объём часов			
		1 се- мestr	2 се- мestr	3 се- мestr	4 се- мestr
Общая трудоёмкость дисциплины, з.е./ч	4/144		4/144		
Общая контактная работа, ч	66,25		66,25		
Общая самостоятельная работа (по учебному плану), ч	77,75		77,75		
Контактная работа при проведении учебных занятий, в т.ч. (часы)	66		66		
лекции	22		22		
лабораторные работы	44		44		
Самостоятельная работа при проведении учебных занятий, ч	68,9		68,9		
Контактная работа промежуточной аттестации обучающихся, в т.ч. (часы)	0,25		0,25		
зачет с оценкой	0,25		0,25		
Самостоятельная работа при промежуточной аттестации, в т.ч.(часы)	8,85		8,85		
подготовка к зачету с оценкой	8,85		8,85		
Форма промежуточной аттестации	зачёт с оцен- кой		зачёт с оцен- кой		

4. Содержание дисциплины

4.1. Содержание дисциплины в разрезе разделов и подразделов

Введение Цели, задачи и методы, основные приложения. Основные понятия. Аминокислоты, строение и свойства. ДНК, РНК, нуклеотиды. Анализ последовательностей.

Тема 1. Роль биоинформатики в современной биологии

Истоки биоинформатики (Маргарет Дайхофф).

Экспериментальная молекулярная биология – Молекулярно-биологические данные – Хранение и поиск – Статистическая обработка – Математические модели.

Объекты исследования в биоинформатике: геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика.

Тема 2. Базы данных

Интернет для биоинформатики. Поиск информации и литературы в Интернет с помощью: Google, Google Академия, База данных Биомедицинской литературы: PubMed.

Программные средства поддержки в биоинформатике BioPerl, R и Bioconductor, Проект Galaxy.

Специальные выпуски NAR: базы данных и Web-сервисы. NAR database list.

Основы структур баз данных: записи, поля, объекты. Сайт NCBI: результат поиска – описание гена; уточнение поиска – использование полей БД.

Способы представления информации о последовательностях. Идентификатор последовательности – Accession.

Биоинформатика: возникновение на основе баз данных, в которых собраны ДНК и белковые последовательности. GenBank, EMBL и DDBJ – Международная коллаборация баз данных (International Sequence Database Collaboration).

Классификация баз данных (автоматические, архивные, курируемые).

Основные базы данных:

- первичные БД: Genbank – последовательности ДНК, Uniprot – последовательности белков, PDB – структуры белков. График накопления данных в GenBank. Формат записи в БД Genbank. Графическая визуализация записи в БД Genbank.

- вторичные БД: Pfam – база данных функциональных доменов белков и РНК, Rerbase – база данных геномных повторов и мобильных элементов; SCOP – структурная классификация белков;

- информационные порталы: Ensembl – база данных аннотации геномов, Flybase – база данных геномов *D.melanogaster*; KEGG – база данных по метаболическим сетям.

Интеграция баз данных.

Форматы записи FASTA, EMBL, GenBank. Конвертирование последовательностей из одного формата в другой: ReadSeq.

Поиск информации в БД: логические операторы. Поиск гомологичных последовательностей в базах данных.

Тема 3. Уровни структурной организации белков

Первичная структура белка. Вторичная, третичная и четвертичная структуры протеинов.

Мотивы и домены. Функции белков, связь со структурой. Современные методы предсказания вторичной и третичной структуры белков на основе первичной структуры.

Базы данных в биологии. Описание белков и их функций в виде неформализованного текста. Базы и банки данных в молекулярной биологии. Базы данных пространственных структур биополимеров.

Метод моделирования по гомологиям.

ДНК: молекулярный объект и компьютерная модель – строка

ДНК: молекулярный объект и компьютерная модель – вектор чисел

ДНК: молекулярный объект и компьютерная модель – пространственная структура молекулы

Последовательности ДНК: объемы данных

Нуклеотидные последовательности: расширенный алфавит.

Тема 4. Сравнение последовательностей

Анализ последовательностей нуклеотидов. Строение молекулы ДНК, упаковка, комплементарность. Гены, регуляторные последовательности.

Математические основы выравнивания последовательностей символов. Матрицы аминокислотных замен, парное выравнивание и его оценка, множественное выравнивание, вычислительные ресурсы. Глобальное выравнивание: алгоритм Нидельмана-Вунша. Локальное выравнивание: алгоритм Смита-Ватермана. Другие варианты выравнивания. Статистическая значимость выравниваний. Зависимость выравнивания от параметров. Множественное выравнивание. Применение выравнивания в биоинформатике.

Тема 5. Биоинформатика в биологии растений

Математические объекты в биологии. Матрица: описание взаимодействия генов в генной сети.

Расшифровка геномов сельскохозяйственных растений

Статистика по секвенированным геномам растений в режиме постоянного обновления. Информационный портал по геномам растений *plaVi*

Филогеномика: сравнительный анализ геномов разных видов.

Пангеном: сравнительный анализ геномов одного вида/таксона.

Описание функций генов: контролируемые словари, онтологии генов. Быстрый рост числа секвенированных геномов растений.

Ресурсы в области геномики растений.

Тема 6. Направления информационных ресурсов по растениям

Геномные проекты: специализированные порталы по модельным видам (TAIR, Maize GDB, Sol Genomics network); Порталы по геномам растений (Ensemble Plants);

Интегрированные ресурсы по геномам растений (Gramene, PlantGDB, URGI);

Сравнительная геномика (PLAZA); Анализ экспрессии генов (*expVIP*);

Специализированные базы данных по молекулярным системам (длинные некодирующие РНК регуляторные последовательности, онтологии и т.п.).

Тема 7. Компьютерная феномика

Методы современной генетики: поиск геномных ассоциаций с изменениями фенотипических признаков.

Феномика – технологии массового анализа фенотипа. Направления разработок. Технологии. Роль феномики в создании новых сортов сельскохозяйственных растений.

Объекты и задачи фенотипирования: подсчет объектов, анализ формы, анализ цвета, классификация объектов.

Определение морфометрических характеристик растений на основе высокопроизводительного фенотипирования.

Морфометрия колосьев пшеницы на основе анализа изображений. Оценка точности сегментации колоса и остей. Сравнение параметров модели для колосьев трех типов. Кластерный анализ количественных морфометрических характеристик колоса. Анализ вариативности морфометрических характеристик колоса для колосьев представителей 14 генотипов пшеницы. Приоритизация генов из локусов, ассоциированных с признаками зерен.

Тема 8. Программы, приложения, методы фенотипирования растений

Основные задачи анализа изображений: сегментация, выделение контуров (бинаризация), представление объектов, морфометрия, анализ цвета, классификация объектов, регрессионный анализ.

Методы анализа изображений для фенотипирования растений: методы анализа 2D изображений; методы статистического анализа; методы многомерного статистического

анализа; методы машинного обучения; классификация, регрессия, глубокое машинное обучение.

Оценка точности разрабатываемых методов: сегментации изображений, подсчета объектов, регрессии, классификации.

Разработка программ для фенотипирования растений. Пакеты для разработки приложений в области анализа изображений.

Программы анализа изображений для фенотипирования растений.

Автоматизированные решения для феномики растений: фенотипирование в теплице. Алгоритмы нейронных сетей.

Приложения для мобильных устройств: LeafSnap, LeafDoctor, Pl@ntNet.

Приложение SeedCounter: подсчет зерен, оценка их размера, формы и цвета. Протокол для съемки цифровой камерой.

Компьютерные методы фенотипирования зерен: Hughes et al. (2018), Tanabata et al., 2012 (программа SmartGrain), Zhu et al., 2021 (программа SeedExtractor).

Система SpikeDroid: база данных (SpikeDroidDB), web-интерфейса на основе CMS (CMF) Drupal, модуль обработки изображений.

4.2. Распределение контактной и самостоятельной работы при подготовке к занятиям по подразделам

Разделы, подразделы дисциплины	Контактная работа			СР
	лекции	ЛЗ	ПЗ	
Введение	2	-		8
Тема 1. Роль биоинформатики в современной биологии	2	4		8
Тема 2. Базы данных	4	8		8
Тема 3. Уровни структурной организации белков	2	4		6
Тема 4. Сравнение последовательностей	2	8		6
Тема 5. Биоинформатика в биологии растений	4	8		10
Тема 6. Направления информационных ресурсов по растениям	2	4		10
Тема 7. Компьютерная феномика	2	4		6
Тема 8. Программы, приложения, методы фенотипирования растений	2	4		6,9
Всего	22	44		68,9

4.3. Перечень тем и учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся

№ п/п	Тема самостоятельной работы	Учебно-методическое обеспечение	Объем, ч
1.	Точечные и интервальные оценки параметров	Гашев С.Н. Математические методы в биологии: анализ биологических данных в системе Statistica: учебное пособие / С.Н. Гашев, Ф.Х. Бетляева, М.Ю. Лупинос. – Москва: Юрайт, 2022. – 207 с. – ISBN 978-5-534-02265-0. – С. 8-31	10
2.	Параметрические и непараметрические критерии сравнения	Гашев С.Н. Математические методы в биологии: анализ биологических данных в системе Statistica: учебное пособие / С.Н. Гашев, Ф.Х. Бетляева, М.Ю. Лупинос. – Москва: Юрайт, 2022. – 207 с. – ISBN 978-5-534-02265-0. – С. 32-69	16
4.	Методы оценки связи между признаками	Гашев С.Н. Математические методы в биологии: анализ биологических данных в системе Statistica: учебное пособие / С.Н. Гашев, Ф.Х. Бетляева, М.Ю. Лупинос. – Москва: Юрайт, 2022. – 207 с. – ISBN 978-5-534-02265-0. – С. 112-147.	24
5.	Методы классификационного анализа	Гашев С.Н. Математические методы в биологии: анализ биологических данных в системе Statistica: учебное пособие / С.Н. Гашев, Ф.Х. Бетляева, М.Ю. Лупинос. – Москва: Юрайт, 2022. – 207 с. – ISBN 978-5-534-02265-0. – С. 170-189.	18,9
Всего			68,9

5. Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации и текущего контроля

5.1. Этапы формирования компетенций

Подраздел дисциплины	Компетенция	Индикатор достижения компетенции	
		З	ИД-1 _{ПК-2}
Введение Тема 1. Роль биоинформатики в современной биологии Тема 2. Базы данных	ПК-2	У	ИД-6 _{ПК-2}
		Н	ИД-8 _{ПК-2}
		У	ИД-9 _{ПК-3}
	ПК-3	Н	ИД-13 _{ПК-3}
		Н	ИД-14 _{ПК-3}
	ПК-4	З	ИД-1 _{ПК-4}
		У	ИД-5 _{ПК-5}
	ПК-6	З	ИД-4 _{ПК-6}
		У	ИД-5 _{ПК-6}
		У	ИД-6 _{ПК-6}
		У	ИД-7 _{ПК-6}
		Н	ИД-9 _{ПК-6}
Тема 3. Уровни структурной организации белков Тема 4. Сравнение последовательностей	ПК-2	З	ИД-1 _{ПК-2}
		У	ИД-6 _{ПК-2}
		Н	ИД-8 _{ПК-2}
	ПК-3	У	ИД-9 _{ПК-3}
		Н	ИД-13 _{ПК-3}
		Н	ИД-14 _{ПК-3}
	ПК-4	З	ИД-1 _{ПК-4}
		У	ИД-5 _{ПК-5}
	ПК-6	З	ИД-4 _{ПК-6}
		У	ИД-5 _{ПК-6}
		У	ИД-6 _{ПК-6}
		У	ИД-7 _{ПК-6}
Н		ИД-9 _{ПК-6}	
Тема 5. Биоинформатика в биологии растений	ПК-2	З	ИД-1 _{ПК-2}
		У	ИД-6 _{ПК-2}
		Н	ИД-8 _{ПК-2}
	ПК-3	У	ИД-9 _{ПК-3}
		Н	ИД-13 _{ПК-3}
		Н	ИД-14 _{ПК-3}
	ПК-4	З	ИД-1 _{ПК-4}
		У	ИД-5 _{ПК-5}
	ПК-6	З	ИД-4 _{ПК-6}
		У	ИД-5 _{ПК-6}
		У	ИД-6 _{ПК-6}
		У	ИД-7 _{ПК-6}
Н		ИД-9 _{ПК-6}	
ПК-6	Н	ИД-10 _{ПК-6}	

Тема 6. Направления информационных ресурсов по растениям	ПК-2	З	ИД-1 _{ПК-2}
		У	ИД-6 _{ПК-2}
		Н	ИД-8 _{ПК-2}
	ПК-3	У	ИД-9 _{ПК-3}
		Н	ИД-13 _{ПК-3}
		Н	ИД-14 _{ПК-3}
	ПК-4	З	ИД-1 _{ПК-4}
		У	ИД-5 _{ПК-5}
	ПК-6	З	ИД-4 _{ПК-6}
		У	ИД-5 _{ПК-6}
У		ИД-6 _{ПК-6}	
У		ИД-7 _{ПК-6}	
Н		ИД-9 _{ПК-6}	
Тема 7. Компьютерная феномика Тема 8. Программы, приложения, методы фенотипирования растений	ПК-2	З	ИД-1 _{ПК-2}
		У	ИД-6 _{ПК-2}
		Н	ИД-8 _{ПК-2}
	ПК-3	У	ИД-9 _{ПК-3}
		Н	ИД-13 _{ПК-3}
		Н	ИД-14 _{ПК-3}
	ПК-4	З	ИД-1 _{ПК-4}
		У	ИД-5 _{ПК-5}
	ПК-6	З	ИД-4 _{ПК-6}
		У	ИД-5 _{ПК-6}
		У	ИД-6 _{ПК-6}
		У	ИД-7 _{ПК-6}
		Н	ИД-9 _{ПК-6}
			Н

5.2. Шкалы и критерии оценивания достижения компетенций

5.2.1. Шкалы оценивания достижения компетенций

Вид оценки	Оценки			
	Академическая оценка по 4-х балльной шкале	неудовлетворительно	удовлетворительно	хорошо

Вид оценки	Оценки	
	Академическая оценка по 2-х балльной шкале	не зачтено

5.2.2. Критерии оценивания достижения компетенций

Критерии оценки на зачете с оценкой

Оценка, уровень достижения компетенций	Описание критериев
Отлично, высокий	Обучающийся показал полные и глубокие знания программного материала, логично и аргументировано ответил на все вопросы экзаменационного билета, а также на дополнительные вопросы, способен самостоятельно решать сложные задачи дисциплины
Хорошо, продвинутый	Обучающийся твердо знает программный материал, грамотно его излагает, не допускает существенных неточностей в ответе, достаточно полно ответил на вопросы экзаменационного билета и дополнительные вопросы, способен самостоятельно решать стандартные задачи дисциплины
Удовлетворительно, пороговый	Обучающийся показал знание только основ программного материала, усвоил его поверхностно, но не допускал грубых ошибок или неточностей, требует наводящих вопросов для правильного ответа, не ответил на дополнительные вопросы, способен решать стандартные задачи дисциплины с помощью преподавателя
Неудовлетворительно, компетенция не освоена	Обучающийся не знает основ программного материала, допускает грубые ошибки в ответе, не способен решать стандартные задачи дисциплины даже с помощью преподавателя

Критерии оценки тестов

Оценка, уровень достижения компетенций	Описание критериев
Отлично, высокий	Содержание правильных ответов в тесте не менее 90%
Хорошо, продвинутый	Содержание правильных ответов в тесте не менее 75%
Удовлетворительно, пороговый	Содержание правильных ответов в тесте не менее 50%
Неудовлетворительно, компетенция не освоена	Содержание правильных ответов в тесте менее 50%

Критерии оценки устного опроса

Оценка, уровень достижения компетенций	Описание критериев
Зачтено, высокий	Обучающийся демонстрирует уверенное знание материала, четко выражает свою точку зрения по рассматриваемому вопросу, приводя соответствующие примеры
Зачтено, продвинутый	Обучающийся демонстрирует уверенное знание материала, но допускает отдельные погрешности в ответе
Зачтено, пороговый	Обучающийся демонстрирует существенные пробелы в знаниях материала, допускает ошибки в ответах

Не зачтено, компетенция не освоена	Обучающийся демонстрирует незнание материала, допускает грубые ошибки в ответах
------------------------------------	---

Критерии оценки решения задач

Оценка, уровень достижения компетенций	Описание критериев
Зачтено, высокий	Обучающийся уверенно знает методику и алгоритм решения задачи, не допускает ошибок при ее выполнении.
Зачтено, продвинутый	Обучающийся в целом знает методику и алгоритм решения задачи, не допускает грубых ошибок при ее выполнении.
Зачтено, пороговый	Обучающийся в целом знает методику и алгоритм решения задачи, допускает ошибок при ее выполнении, но способен исправить их при помощи преподавателя.
Не зачтено, компетенция не освоена	Обучающийся не знает методику и алгоритм решения задачи, допускает грубые ошибки при ее выполнении, не способен исправить их при помощи преподавателя.

Критерии оценки рефератов

Оценка, уровень достижения компетенций	Описание критериев
Зачтено, высокий	Структура, содержание и оформление реферата полностью соответствуют предъявляемым требованиям, обоснована актуальность темы, даны четкие формулировки, использованы актуальные источники информации, отсутствуют орфографические, синтаксические и стилистические ошибки
Зачтено, продвинутый	Структура, содержание и оформление реферата полностью соответствуют предъявляемым требованиям, обоснована актуальность темы, даны четкие формулировки, использованы актуальные источники информации, имеются отдельные орфографические, синтаксические и стилистические ошибки
Зачтено, пороговый	Структура, содержание и оформление реферата в целом соответствуют предъявляемым требованиям, обоснована актуальность темы, даны четкие формулировки, использованы как актуальные, так и устаревшие источники информации, имеются отдельные орфографические, синтаксические и стилистические ошибки
Не зачтено, компетенция не освоена	Структура, содержание и оформление реферата не соответствуют предъявляемым требованиям, актуальность темы не обоснована, отсутствуют четкие формулировки, использованы преимущественно устаревшие источники информации, имеются в большом количестве орфографические, синтаксические и стилистические ошибки

5.3. Материалы для оценки достижения компетенций

5.3.1. Оценочные материалы промежуточной аттестации

5.3.1.1. Вопросы к экзамену

Не предусмотрен.

5.3.1.2. Задачи к экзамену

Не предусмотрен

5.3.1.3. Вопросы к зачету с оценкой

№	Содержание	Компетенция	ИДК	
1.	Биоинформатика и биоинженерия: возникновение, цели, задачи, методы	ПК-2 ПК-4 ПК-6	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4} ИД-4 _{ПК-6}
2.	Базы данных: классификация, основы структур	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
3.	Базы данных белковых последовательностей	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
4.	Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
5.	Банки данных метаболических путей	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
6.	Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п.	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
7.	Основные библиографические базы данных	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
8.	NCBI, ENTREZ и BLAST – назначение, инструменты, задачи	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
9.	Выравнивание двух последовательностей, точечные матрицы	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
10.	Глобальное и локальное выравнивание, вес выравнивания, матрицы аминокислотных замен	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
11.	Локальное выравнивание, задачи, примеры	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
12.	Алгоритм динамического программирования. Оптимальное выравнивание последовательностей. Способы оптимизации поиска – FASTA, BLAST	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
13.	Зависимость выравнивания от параметров, статистическая значимость выравниваний	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
14.	Множественное выравнивание	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
15.	Программы для поиска множественного выравнивания. PSI-BLAST	ПК-2	3	ИД-1 _{ПК-2}
16.	Скрытые Марковские модели (HMM)	ПК-2	3	ИД-1 _{ПК-2}
17.	Выравнивания и филогенетические отношения	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
18.	Кластеризационный подход к заданию филогенетических отношений	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
19.	Кладистические методы	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}

20.	Третичная структура белка. Фолдинг	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
21.	Предсказание третичной структуры белка. Моделирование гомологов. Методы, ПО, сервисы	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
22.	Экспериментальное определение структуры белка. Оценка качества полученной структуры	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
23.	Предсказание параметров спирали ДНК	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
24.	Динамические модели РНК	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
25.	Поиск РНК с заданной структурой (тРНК и т.п., регуляторные участки мРНК)	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
26.	Феномика – технологии массового анализа фенотипа. Направления разработок. Технологии	ПК-2 ПК-4 ПК-6	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4} ИД-4 _{ПК-6}
27.	Роль феномики в создании новых сортов сельскохозяйственных растений	ПК-2 ПК-4 ПК-6	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4} ИД-4 _{ПК-6}
28.	Объекты и задачи фенотипирования	ПК-2 ПК-4 ПК-6	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4} ИД-4 _{ПК-6}
29.	Определение морфометрических характеристик растений на основе высокопроизводительного фенотипирования	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
30.	Кластерный анализ количественных морфометрических характеристик колоса	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
31.	Основные задачи анализа изображений	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
32.	Методы анализа изображений для фенотипирования растений	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
33.	Оценка точности разрабатываемых методов	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
34.	Пакеты для разработки приложений в области анализа изображений	ПК-2	3	ИД-1 _{ПК-2}
35.	Программы анализа изображений для фенотипирования растений	ПК-2	3	ИД-1 _{ПК-2}
36.	Приложение SeedCounter: подсчет зерен, оценка их размера, формы и цвета. Протокол для съемки цифровой камерой	ПК-2	3	ИД-1 _{ПК-2}
37.	Компьютерные методы фенотипирования зерен	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
38.	Система SpikeDroid	ПК-2	3	ИД-1 _{ПК-2}

5.3.1.4. Вопросы к зачету

Не предусмотрен

5.3.1.5. Перечень тем курсовых проектов

Не предусмотрен

5.3.1.6. Вопросы к защите курсового проекта

Не предусмотрен

5.3.2. Оценочные материалы текущего контроля

5.3.2.1. Вопросы тестов

№	Содержание	Компетенция	ИДК	
1.	Мутация, при которой единичная замена основания оставляет аминокислотную последовательность неизменной, называется а) нонсенс-мутация; б) обратная замена; в) «молчащая» мутация; г) мисенс-мутация.	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
2.	Основной постулат (центральная догма) молекулярной биологии а) ДНК → РНК → белок; б) ДНК ↔ РНК → белок; в) ДНК → РНК ↔ белок; г) РНК → ДНК → белок	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
3.	Вырожденность генетического кода – это а) кодирование одним триплетом только одной аминокислоты; б) кодирование одним триплетом одной либо нескольких аминокислот; в) кодирование одной аминокислоты несколькими триплетами; г) кодирование одним триплетом разных аминокислот.	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
4.	Универсальность генетического кода – это а) кодирование одним триплетом одной либо нескольких аминокислот; б) кодирование одной аминокислоты несколькими триплетами; в) кодирование одной аминокислоты одним триплетом; г) наличие единого кода для всех существ на Земле.	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
5.	Для нахождения консервативных регионов в наборе последовательностей применяется преимущественно а) множественное выравнивание; б) локальное выравнивание; в) глобальное выравнивание; г) структурное выравнивание.	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
6.	Выравнивание – это: а) сравнение последовательностей нуклеотидов с «липкими концами»; б) сравнение аминокислотных последовательностей белков по длине; в) сравнение нуклеотидных последовательностей по длине; г) сравнение последовательностей в поиске идентичных серий символов	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
7.	Расстояние по Левенштайну или «редакционное расстояние» между двумя строками: а) минимальное число «операций редактирования» для того,	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}

	<p>чтобы превратить одну строку в другую;</p> <p>б) максимальное число «операций редактирования» для того, чтобы превратить одну строку в другую;</p> <p>в) минимальное число замен позиций в строке для того, чтобы превратить одну строку в другую;</p> <p>г) минимальное число вставок для того, чтобы превратить одну строку в другую.</p>			
8.	<p>PSI-BLAST- это программа, которая</p> <p>а) позволяет проводить анализ популяционно-генетических данных;</p> <p>б) осуществляет филогенетический анализ с использованием метода парсимонии;</p> <p>в) подбирает данные для последовательностей, аналогичных запрошенной;</p> <p>г) проводит множественное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей.</p>	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
9.	<p>В иерархии структур белка, домены располагаются ...</p> <p>а) после четвертичной структуры;</p> <p>б) между вторичными и третичными структурами мономера;</p> <p>в) подобный уровень отсутствует;</p> <p>г) между первичными и вторичными структурами мономера.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
10.	<p>Что из перечисленного не относится к основным типам генетических карт:</p> <p>а) генетические карты сцепленности генов;</p> <p>б) «бэндные» схемы хромосом;</p> <p>в) последовательности ДНК;</p> <p>г) контиг.</p>	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
11.	<p>Контиг – это</p> <p>а) набор перекрывающихся фрагментов ДНК, которые в совокупности представляют собой консенсусную область ДНК;</p> <p>б) локусы с варьирующим числом tandemных повторов;</p> <p>в) полиморфизм коротких tandemных повторов;</p> <p>г) короткий, секвенированный участок ДНК, локализованный в строго определенной области генома.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
12.	<p>Процесс спонтанного сворачивания полипептидной цепи в уникальную нативную пространственную структуру называется:</p> <p>а) сплайсинг;</p> <p>б) трансляция;</p> <p>в) фолдинг;</p> <p>г) процессинг.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
13.	<p>Основным инструментом биоинформатики является:</p> <p>а) выравнивание последовательностей;</p> <p>б) секвенирование;</p> <p>в) программирование;</p> <p>г) картирование генома.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
14.	<p>Точечная матрица – это</p> <p>а) комплементарная, записанная в обратном порядке последовательность;</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}

	<p>б) палиндромность последовательности;</p> <p>в) матрицы расчета весов для замен в аминокислотных последовательностях;</p> <p>г) простейшее изображение, которое дает представление о сходстве между двумя последовательностями.</p>			
15.	<p>Метод исследования вещества путём определения отношения массы к заряду и количества заряженных частиц, образующихся при том или ином процессе воздействия на вещество:</p> <p>а) ЯМР-спектроскопия;</p> <p>б) масс-спектрометрия;</p> <p>в) ИК-спектроскопия;</p> <p>г) электрофорез.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
16.	<p>Для аннотирования структуры белка не используется метод:</p> <p>а) метод выявления гомологии в последовательностях;</p> <p>б) метод распознавания фолда;</p> <p>в) экспериментальное определение структуры;</p> <p>г) метод Смита-Ватермана</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
17.	<p>При каком значении процента идентичных остатков в оптимальном выравнивании два белка будут, вероятно, иметь сходный паттерн фолдинга?</p> <p>а) более 25%;</p> <p>б) более 45%;</p> <p>в) 18%;</p> <p>г) 10%.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
18.	<p>. Паралогичные гены (paralogous genes) это:</p> <p>а) гомологичные гены филогенетически родственных организмов;</p> <p>б) гены, которые произошли в результате внутригеномных дупликаций в геноме данного вида;</p> <p>в) гомологичные гены филогенетически родственных организмов, разошедшихся в процессе видообразования;</p> <p>г) гомологичные гены микроорганизмов, образовавшиеся в процессе горизонтального переноса.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
19.	<p>Трансмембранные сегменты состоят почти исключительно из гидрофобных аминокислотных остатков. Сколько остатков составляет длину трансмембранных спиралей</p> <p>а) 100 остатков;</p> <p>б) 150 остатков;</p> <p>в) 2-5 остатка;</p> <p>г) 15-30 остатков.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
20.	<p>Какая из перечисленных ниже программ используется для множественного выравнивания последовательностей ДНК и белков</p> <p>а) ClustalW;</p> <p>б) BLAST;</p> <p>в) DALI;</p> <p>г) CASP</p>	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
21.	<p>Модель для оценки эволюционного расстояния по нуклеотидным (либо аминокислотным) заменам в последовательности</p> <p>а) модель Тамуры-Нея;</p>	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}

	<p>б) модель Джукса-Кантора; в) марковская модель; г) скрытая марковская модель.</p>			
22.	<p>Основная проблема постгеномной эры: а) - предсказание первичной структуры белка по последовательности ДНК; б) - предсказание вторичной структуры белка по последовательности ДНК; в) - предсказание третичной структуры белка по последовательности ДНК; г) - предсказание четвертичной структуры белка по последовательности ДНК.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
23.	<p>Гомологичные нуклеотидные (или аминокислотные) последовательности называют паралогичными если... а) они появились в результате видообразования; б) они появились в результате дупликации; в) они находятся в начале гена; г) они являются уникальными.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
24.	<p>Какое из перечисленных ниже выравниваний применяется к «похожим» последовательностям приблизительно одинаковой длины и наглядно показывает разницу между этими последовательностями а) локальное; б) множественное; в) глобальное; г) структурное.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
25.	<p>Выравнивание нуклеотидных или аминокислотных последовательностей с самым высоким весом называют а) оптимальным; б) множественным; в) глобальным; г) структурным.</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
26.	<p>Выберите из списка базу данных по геномике растений: а) NCBI; б) Ensembl Plants; в) UniProt; г) MouseGenomeDatabase</p>	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
27.	<p>Выберите из списка методы, которые используются в фенотипике растений: а) анализ генетических маркеров; б) секвенирование геномов; в) масс-спектрометрия; г) анализ цифровых изображений</p>	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
28.	<p>Какую информацию необходимо знать о целевом гене для грамотного планирования эксперимента по его редактированию: а) необходимо знать нуклеотидную последовательность; б) необходимо знать состав экзонов и интронов целевого гена; в) необходимо знать структуру белка и особенности его экспрессии; г) необходимо знать все вышеперечисленное</p>	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}

5.3.2.2. Вопросы для устного опроса

№	Содержание	Компетенция	ИДК	
1.	Дайте современное определение биоинформатики и биоинженерии	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
2.	В чем заключается специфика биоинформационных данных?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
3.	Какие виды биоинформационной деятельности Вам известны?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
4.	Перечислите основные направления использования биоинформационных данных, дайте их краткую характеристику	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
5.	Что подразумевается перед молекулярно-биологическими основами биоинформатики?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
6.	Что можно отнести к информационно-компьютерным и Интернет-компонентам биоинформатики?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
7.	. В каких направлениях осуществляется применение биоинформатики и биоинженерии?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
8.	В чем заключаются особенности генетической информации?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
9.	Что такое биоинформационные данные, сети и базы? Каково их предназначение? Приведите примеры.	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
10.	Что такое геномная информация?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
11.	Дайте определение генетическим картам и картированию генома	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
12.	Перечислите основные типы ДНК-маркеров, используемых при картировании генома	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
13.	Опишите процесс определения нуклеотидных последовательностей, секвенирования ДНК	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
14.	Опишите процесс определение сиквенса клона	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
15.	Отметьте особенности использования EST-последовательностей	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
16.	В чем сущность секвенирования белков?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
17.	Опишите анализ белковой экспрессии методом двумерного фореа в полиакриламидном геле	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
18.	Что такое глобальное выравнивание последовательностей?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
19.	В чем отличительные особенности локального выравнивания последовательностей	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
20.	Что представляет собой множественное выравнивание последовательностей?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
21.	Какова мера сходства биологических последовательностей?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
22.	Перечислите и кратко охарактеризуйте операции редактирования	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
23.	Что такое вес операций редактирования?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
24.	Опишите структуру записи PDB	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
25.	В чем сущность анализа структурных особенностей?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
26.	Что такое моделирование?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}

27.	В чем сущность предсказания вторичной и третичной структуры белков по гомологии	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
28.	В чем сущность предсказания параметров спирали ДНК?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
29.	Что такое динамическое программирование и динамические модели РНК?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
30.	В чем суть анализа популяционных данных?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
31.	Что такое 8Snp, тандемные повторы, митохондрии и Y-хромосомы, данные по рестрикции	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
32.	Какова статистика последовательностей ДНК?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
33.	Какова статистика ДНК как характеристика генома?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
34.	Что такое вычислительная геномика?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
35.	Что такое феномика?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
36.	Перечислите основные направления разработок в области феномики	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
37.	Перечислите технологии фенотипирования	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
38.	Какова роль феномики в создании новых сортов сельскохозяйственных растений	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
39.	Назовите объекты и задачи фенотипирования	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
40.	Как протекает определение морфометрических характеристик растений на основе фенотипирования?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
41.	Каковы основные задачи анализа изображений?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
42.	Перечислите методы анализа изображений для фенотипирования растений	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
43.	Как проводится оценка точности разрабатываемых методов фенотипирования?	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
44.	Какие пакеты для разработки приложений в области анализа изображений Вам известны?	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
45.	Назовите программы анализа изображений для фенотипирования растений	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
46.	Кратко охарактеризуйте приложение SeedCounter	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
47.	Опишите протокол для съемки цифровой камерой	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}
48.	Перечислите компьютерные методы фенотипирования зерен	ПК-6	3	ИД-4 _{ПК-6}
49.	Опишите структуру системы SpikeDroid	ПК-2 ПК-4	3	ИД-1 _{ПК-2} ИД-1 _{ПК-4}

5.3.2.3. Задачи для проверки умений и навыков

№	Содержание	Компетенция	ИДК	
1.	Средства работы с банками данных GenBank, EMBL и DDBJ	ПК-3	У	ИД-9 _{ПК-3}
			Н	ИД-13 _{ПК-3} ИД-14 _{ПК-3}
2.	Средства работы с банками данных Pfam, Repbase,	ПК-4	У	ИД-5 _{ПК-4}
		ПК-3	У	ИД-9 _{ПК-3}

	SCOP		Н	ИД-13 _{ПК-3} ИД-14 _{ПК-3} ИД-5 _{ПК-4}
3.	Поиск гомологичных последовательностей в базах данных	ПК-4 ПК-3	У Н	ИД-9 _{ПК-3} ИД-13 _{ПК-3} ИД-14 _{ПК-3} ИД-5 _{ПК-4}
4.	Определение морфометрических характеристик растений на основе фенотипирования	ПК-2 ПК-4	У Н	ИД-6 _{ПК-2} ИД-8 _{ПК-2} ИД-5 _{ПК-4}
5.	С помощью программы LHDetect2 провести анализ количественных характеристик опушения у различных сортов	ПК-3 ПК-4	У Н	ИД-9 _{ПК-3} ИД-13 _{ПК-3} ИД-14 _{ПК-3} ИД-5 _{ПК-4}
6.	SeedCounter: подсчет зерен в колосе и оценка их размеров	ПК-2 ПК-4	У Н	ИД-6 _{ПК-2} ИД-8 _{ПК-2} ИД-5 _{ПК-4}
7.	Оценить внутривидовые различия характеристик формы колосу у генотипов	ПК-3 ПК-4	У Н	ИД-9 _{ПК-3} ИД-13 _{ПК-3} ИД-14 _{ПК-3} ИД-5 _{ПК-4}
8.	Опишите алгоритм анализа изображений	ПК-6	У Н	ИД-5 _{ПК-6} ИД-6 _{ПК-6} ИД-7 _{ПК-6} ИД-9 _{ПК-6} ИД-10 _{ПК-6}

5.3.2.4. Перечень тем рефератов

№	Тема реферата
1.	Современные методы исследования первичной структуры белка
2.	Протеомика: возможности и перспективы.
3.	Процессинг и фолдинг синтезированного белка, биологическое значение этих процессов
4.	MALDI-TOF-спектрометрия биоорганических макромолекул
5.	Гипотеза «молекулярных часов».
6.	Gfp – один из самых востребованных маркеров молекулярной и клеточной биологии
7.	Структура генетического локуса.
8.	Протеомика – лидер науки XXI века
9.	Филогенетический анализа геномов вирусов.
10.	Метаболомика и проблема антибиотикорезистентности.
11.	Компьютерный анализ генетических текстов.

5.3.2.5. Вопросы для обсуждения в форме круглого стола/ дискуссии

Не предусмотрены

5.4. Система оценивания достижения компетенций

5.4.1. Оценка достижения компетенций в ходе промежуточной аттестации

<i>Компетенция ПК-2 Способен проводить генотипирование и фенотипирование селекционного материала, осуществлять генетическую паспортизацию селекционных достижений</i>					
Индикаторы достижения компетенции ПК-2		Номера вопросов и задач			
Код	Содержание	вопросы к экзамену	задачи к экзамену	вопросы к зачету (зачету с оценкой)	вопросы по курсовому проекту
3 ИД-1 _{ПК-2}	Современные наукометрические, информационные, патентные и иные базы данных и знаний			1-8, 15-16, 26-28, 34-36, 38	

<i>Компетенция ПК-6 Способен проводить биотехнологические исследования в рамках селекционно-генетических программ</i>					
Индикаторы достижения компетенции ПК-6		Номера вопросов и задач			
Код	Содержание	вопросы к экзамену	задачи к экзамену	вопросы к зачету (зачету с оценкой)	вопросы по курсовому проекту
3 ИД-4 _{ПК-6}	Теоретические основы и основные современные методы фенотипического, биохимического и молекулярно-генетического маркерного анализа, применяемые в селекции сельскохозяйственных культур			1, 9-14, 17-33, 37	

5.4.2. Оценка достижения компетенций в ходе текущего контроля

<i>Компетенция ПК-2 Способен проводить генотипирование и фенотипирование селекционного материала, осуществлять генетическую паспортизацию селекционных достижений</i>					
Индикаторы достижения компетенции ПК-2		Номера вопросов и задач			
Код	Содержание	вопросы тестов	вопросы устного опроса	задачи для проверки умений и навыков	
3 ИД-1 _{ПК-2}	Современные наукометрические, информационные, патентные и иные базы данных и знаний	3, 4, 8, 10, 20-21, 26, 28	1-4, 6-7, 9, 11, 24, 29-30, 34-36, 39, 44-47, 49		
Н ИД-6 _{ПК-2}	Давать оценки коллекционному и селекционному материалу на основе знаний фенотипических и молекулярно-генетических методик маркерного анализа			4, 6	
Н	Владения методами систематизации, об-			4, 6	

ИД-8 _{ПК-2}	работки и представления информации с использованием современных информационных ресурсов, научной, опытно-экспериментальной и приборной базы по тематике проводимых исследований			
----------------------	---	--	--	--

<i>Компетенция ПК-3 Способен работать с биоинформационными средствами анализа геномной ДНК</i>				
Индикаторы достижения компетенции ПК-3		Номера вопросов и задач		
Код	Содержание	вопросы тестов	вопросы устного опроса	задачи для проверки умений и навыков
У ИД-9 _{ПК-3}	Использовать стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики			1-3, 5, 7
Н ИД-13 _{ПК-3}	Владения методами проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей			1-3, 5, 7
Н ИД-14 _{ПК-3}	Владения правилами расчетов оптимальных параметров проведения анализа, систематизации и интерпретации данных биологических объектов, их корректирования			1-3, 5, 7

<i>Компетенция ПК-4 Способен управлять базами данных селекционно-генетических ресурсов</i>				
Индикаторы достижения компетенции ПК-4		Номера вопросов и задач		
Код	Содержание	вопросы тестов	вопросы устного опроса	задачи для проверки умений и навыков
З ИД-1 _{ПК-4}	Методы и технологии научной коммуникации на государственном и иностранном языках	3, 4, 8, 10, 20, 21, 26, 28	1-4, 6-7, 9, 11, 24, 29-30, 34-36, 39, 44-47, 49	
У ИД-5 _{ПК-4}	Проводить статистическую обработку экспериментальных данных в селекционно-ориентированных программах и интерпретировать результаты, полученные в ходе решения исследовательских задач			1-7

<i>Компетенция ПК-6 Способен проводить биотехнологические исследования в рамках селекционно-генетических программ</i>				
Индикаторы достижения компетенции ПК-6		Номера вопросов и задач		
Код	Содержание	вопросы тестов	вопросы устного опроса	задачи для проверки умений и навыков
З ИД-4 _{ПК-6}	Теоретические основы и основные современные методы фенотипического, биохимического и молекулярно-генетического маркерного анализа, применяемые в селекции сельскохозяйственных культур	1-2, 5-7, 9, 11-19, 22-25, 27	5, 8, 10, 12-23, 25-28, 31-33, 37-38, 40-43, 48	
У ИД-5 _{ПК-6}	Проводить фенотипические и молекулярно-генетические маркерные анализы исходного и селекционного материала			8
У ИД-6 _{ПК-6}	Применять различные методы генетического маркерного анализа в селекции для создания новых сортов и гибридов сельскохозяйственных растений			8
У ИД-7 _{ПК-6}	Прогнозировать результаты применения методов фенотипического и молекулярно-генетического маркерного анализа на основе характеристик исходного и перспективного селекционного материала, вовлекаемого в селекционный процесс			8
Н ИД-9 _{ПК-6}	Владения методиками проведения фенотипического маркерного и гибридологического анализов, а также оценок и распознавания специфических селекционно-значимых признаков в условиях открытого и защищенного грунта			8
Н ИД-10 _{ПК-6}	Владения основными методами молекулярно-генетического анализа исходного и перспективного селекционно-значимого материала			8

6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

6.1. Рекомендуемая литература

№	Библиографическое описание	Тип издания	Вид учебной литературы
1.	Лукаткин А.С. Клеточная инженерия растений [электронный ресурс] / Лукаткин А.С., Мокшин Е.В. – Саранск: МГУ им. Н.П. Огарева, 2020. – 184 с. – ISBN 978-5-7103-3994-7. URL:https://e.lanbook.com/book/204584	учебная	основная
2.	Биотехнология растений: учебник и практикум для вузов / Л.В. Назаренко [и др.]. – 2-е изд., испр. и доп. – Москва: Юрайт, 2022. – ISBN 978-5-534-05619-8	учебная	основная
3.	Физиология растений: научный журнал. - М.: Наука, 1954-	периодическое	
4.	Достижения науки и техники АПК. – ежемес. теорет. и науч.-практ. журн. – М.:, 1988-	периодическое	
5.	Российская сельскохозяйственная наука: научно-теоретический журнал. – Москва: Российская академия сельскохозяйственных наук, 2014-	периодическое	
6.	Вестник Воронежского государственного аграрного университета: теоретический и научно-практический журнал / Воронеж. гос. аграр. ун-т - Воронеж: ВГАУ, 1998-	периодическое	

6.2.1. Электронные библиотечные системы

№	Название	Размещение
1	Лань	https://e.lanbook.com/
2	ZNANIUM.COM	http://znanium.com/
3	ЮРАЙТ	http://www.biblio-online.ru/
4	IPRbooks	http://www.iprbookshop.ru/
5	E-library	https://elibrary.ru/
6	Электронная библиотека ВГАУ	http://library.vsau.ru/

6.2.2. Профессиональные базы данных и информационные системы

№	Название	Размещение
1	Единая межведомственная информационно-статистическая система	https://fedstat.ru/
2	База данных показателей муниципальных образований	http://www.gks.ru/free_doc/new_site/bd_munst/munst.htm/
3	База данных ФАОСТАТ	http://www.fao.org/faostat/ru/
4	Портал открытых данных РФ	https://data.gov.ru/
5	Портал государственных услуг	https://www.gosuslugi.ru/
6	Единая информационная система в сфере Закупок	http://zakupki.gov.ru/
7	Электронный сервис "Прозрачный бизнес"	https://pb.nalog.ru/
8	ГАС РФ "Правосудие"	https://sudrf.ru/
9	Справочная правовая система Гарант	http://ivo.garant.ru/
10	Справочная правовая система КонсультантПлюс	http://www.consultant.ru/
11	Профессиональные справочные системы «Кодекс»	https://texэксперт.сайт/sistema-kodeks
12	Росреестр: Публичная кадастровая карта	https://pkk5.rosreestr.ru/
13	Федеральная государственная система территориального планирования	https://fgistp.economy.gov.ru/
14	СТРОЙКонсультант	http://www.stroykonsultant.ru/
15	Аграрная российская информационная система.	http://www.aris.ru/
16	Информационная система по сельскохозяйственным наукам и технологиям	http://agris.fao.org/

6.2.3. Сайты и информационные порталы

№	Название	Размещение
1.	Все ГОСТы	http://vsegost.com/
2.	Россельхоз – информационный портал сельского хозяйства	https://xn--e1aelkcija2b7d.xn--p1ai/
3.	Агропромышленный портал AgroXXI	https://www.agroxxi.ru/
4.	Агрономический портал-сайт о сельском хозяйстве России	http://mcx.ru/
5.	Агрономический портал "Агроном. Инфо"	http://www.agronom.info/
6.	«AGROS» – БД крупнейшая документографическая база данных по проблемам АПК	http://www.cnsnb.ru/artefact3/ia/ia1.asp?lv=11&un=anonymous&p1=&em=c2R .
7.	Сельскохозяйственная электронная библиотека знаний (СЭБиЗ)	http://www.cnsnb.ru/AKDiL
8.	Программные средства анализа изображений и модели для растений	https://www.quantitative-plant.org/
9.	Проект базы данных по пшенице	http://wheatdb.org/seedcounter
10.	Информационный портал по геномам растений plaVi	www.plabipd.de
11.	Статистика GenBank и WGS	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics/
12.	Конвертер форматов последовательностей	http://avermitilis.ls.kitasato-u.ac.jp/readseq.cgi

13.	GenBank	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/
14.	Ресурс информации о последовательности и функциях белков.	http://www.uniprot.org
15.	RCSB Protein Data Bank (RCSB PDB) – инструменты для исследования, визуализации и анализа	http://www.rcsb.org
16.	База данных Pfam – коллекция семейств белков	http://xfam.org
17.	SCOP – структурная классификация белков	http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/
18.	KEGG: Киотская энциклопедия генов и геномов	www.genome.jp/kegg/
19.	NCBI – национальный центр биотехнологической информации	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/
20.	Ресурс геномной онтологии	http://www.geneontology.org/
21.	Plantgdb.org. – инструменты и ресурсы для геномики растений	http://www.plantgdb.org
22.	Информационный ресурс Арабидопсиса	https://arabidopsis.org
23.	Maize GDB – интегрированный ресурс по геномике кукурузы	https://www.maizegdb.org/
24.	Sol Genomics Network – интегрированный ресурс по геномике томата	https://solgenomics.net/
25.	Gramene – интегрированный ресурс по геномике злаков	https://www.gramene.org/
26.	Ensembl Plants – геномы растений и их аннотация	http://plants.ensembl.org/index.html
27.	NAR database list – список баз данных, опубликованных в журнале	http://www.oxfordjournals.org/nar/database/a/

7. Материально-техническое и программное обеспечение дисциплины

7.1. Помещения для ведения образовательного процесса и оборудование

7.1.1. Для контактной работы

Наименование помещений для проведения всех видов учебной деятельности, предусмотренной учебным планом, в том числе помещения для самостоятельной работы, с указанием перечня основного оборудования, учебно-наглядных пособий и используемого программного обеспечения	Адрес (местоположение) помещений для проведения всех видов учебной деятельности, предусмотренной учебным планом (в случае реализации образовательной программы в сетевой форме дополнительно указывается наименование организации, с которой заключен договор)
Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа: комплект учебной мебели, демонстрационное оборудование и учебно-наглядные пособия, используемое программное обеспечение : MS Windows, Office MS Windows, DrWeb ES, 7-Zip, MediaPlayer Classic, Яндекс Брайзер / Mozilla Firefox / Internet Explorer, ALT Linux, LibreOffice	394087, Воронежская область, г. Воронеж, ул. Ломоносова, 81д
Учебная аудитория для проведения лабораторных и практических занятий: комплект учебной мебели, компьютерная техника с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду, демонстрационное оборудование и учебно-наглядные пособия, используемое программное обеспечение...MS Windows, Office MS Windows, DrWeb ES, 7-Zip, MediaPlayer Classic, Яндекс Браузер / Mozilla Firefox / Internet Explorer, ALT Linux, LibreOffice	394087, Воронежская область, г. Воронеж, ул. Ломоносова, 81д
Учебная аудитория для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации, индивидуальных и групповых консультаций: комплект учебной мебели, компьютерная техника с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду, демонстрационное оборудование и учебно-наглядные пособия, используемое программное обеспечение...MS Windows, Office MS Windows, DrWeb ES, 7-Zip, MediaPlayer Classic, Яндекс Браузер / Mozilla Firefox / Internet Explorer, ALT Linux, LibreOffice	394087, Воронежская область, г. Воронеж, ул. Ломоносова, 81д
Помещение для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования: мебель для хранения и обслуживания учебного оборудования, специализированное оборудование для ремонта компьютеров	394087, Воронежская область, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1, а.117, 118
Помещение для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования: комплект мебели, компьютерная техника с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду, используемое программное обеспечение MS Windows, Office MS Windows, DrWeb ES, 7-Zip, MediaPlayer Classic, Яндекс Браузер / Mozilla Firefox / Internet Explorer, ALT Linux, LibreOffice, мебель для хранения и обслуживания учебного оборудования, демонстрационное оборудование и учебно-наглядные пособия	394087, Воронежская область, г. Воронеж, ул. Ломоносова, 81д

7.1.2. Для самостоятельной работы

Наименование помещений для проведения всех видов учебной деятельности, предусмотренной учебным планом, в том числе помещения для самостоятельной работы, с указанием перечня основного оборудования, учебно-наглядных пособий и используемого программного обеспечения	Адрес (местоположение) помещений для проведения всех видов учебной деятельности, предусмотренной учебным планом (в случае реализации образовательной программы в сетевой форме дополнительно указывается наименование организации, с которой заключен договор)
Помещение для самостоятельной работы: комплект учебной мебели, компьютерная техника с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду, используемое программное обеспечение MS Windows, Office MS Windows, DrWeb ES, 7-Zip, MediaPlayer Classic, Яндекс Браузер / Mozilla Firefox / Internet Explorer, ALT Linux, LibreOffice	394087, Воронежская область, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1, а.232а

7.2. Программное обеспечение

7.2.1. Программное обеспечение общего назначения

№	Название	Размещение
1	Операционные системы MS Windows / Linux	ПК в локальной сети ВГАУ
2	Пакеты офисных приложений Office MS Windows / OpenOffice	ПК в локальной сети ВГАУ
3	Программы для просмотра файлов Adobe Reader / DjVu Reader	ПК в локальной сети ВГАУ
4	Браузеры Яндекс Браузер / Mozilla Firefox / Internet Explorer	ПК в локальной сети ВГАУ
5	Антивирусная программа DrWeb ES	ПК в локальной сети ВГАУ
6	Программа-архиватор 7-Zip	ПК в локальной сети ВГАУ
7	Мультимедиа проигрыватель MediaPlayer Classic	ПК в локальной сети ВГАУ
8	Платформа онлайн-обучения eLearning server	ПК в локальной сети ВГАУ
9	Система компьютерного тестирования AST Test	ПК в локальной сети ВГАУ

7.2.2. Специализированное программное обеспечение

№	Название	Размещение
1	Веб-ориентированное офисное программное обеспечение Google Docs	https://docs.google.com
2	Пакет статистической обработки данных Statistica	ПК ауд.122а (К1)

8. Междисциплинарные связи

Дисциплина, с которой необходимо согласование	ФИО ведущего преподавателя	Подпись ведущего преподавателя
Управление селекционно-генетическими базами данных	Гончаров С.В.	

