

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Головьев Дмитрий Александрович
Должность: ректор ФГБОУ ВО Вавиловский университет
Дата подписания: 11.09.2023 15:16:21
Уникальный программный ключ:
528682d78e674e566ab07f01fe1ba21724755a12



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«Саратовский государственный университет генетики,
биотехнологии и инженерии
имени Н. И. Вавилова»

СОГЛАСОВАНО

Заведующий кафедрой

Лушников В. П./

«11» сентября 2024 г.

УТВЕРЖДАЮ

Декан факультета

/Моргунова Н.Л./

«11» сентября 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Дисциплина

**Биоинформационный анализ
молекулярно-генетических данных**

Специальность

**06.05.01 Биотехнология и
биоинформатика**

Направленность (профиль)

**Генетика и селекция
сельскохозяйственных животных**

Квалификация
выпускника

Биоинженер и биоинформатик

Нормативный срок
обучения

5 лет

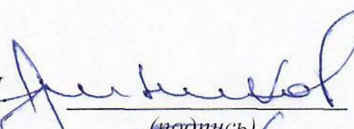
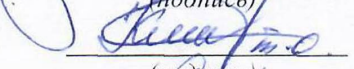
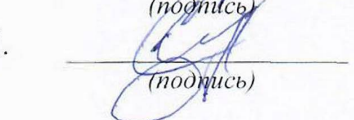
Форма обучения

очная

Разработчики: профессор, Лушников В. П.

ассистент, Кирилина Т. О.

ассистент, Стрильчук А. А.


(подпись)

(подпись)

(подпись)

Саратов 2024

1. Цель освоения дисциплины

Формирование у студентов теоретических знаний и практических навыков по основам биоинформатического анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и применению их в профессиональной деятельности.

2. Место дисциплины в структуре ОПОП ВО

В соответствии с учебным планом по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» дисциплина «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» относится к обязательной части Блока 1 Дисциплины (модули).

Для изучения данной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые дисциплинами при получении высшего образования: «Информатика», «Программирование на языках высокого уровня», «Высшая математика», «Введение в специальность», «Биоинформатика в селекции с.-х. животных», «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных».

Дисциплина «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» является базовой для изучения следующих дисциплин: «Базы данных генетической и геномной информации для селекции с.-х. животных», «Научно-исследовательская работа», «Преддипломная практика», «Подготовка к процедуре защиты и защита выпускной квалификационной работы».

3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения ОПОП ВО

Дисциплина «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» направлена на формирование у обучающихся компетенции, представленной в таблице:

Таблица 1

Требования к результатам освоения дисциплины

№ п/ п	Код компетенции	Содержание компетенции (или ее части)	Индикаторы достижения компетенций	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:		
				знать	уметь	владеть
1	2	3	4	5	6	7
8 семестр						
1	ОПК-1	Способен проводить наблюдения, описания, идентификацию и научную классификацию организмов (прокариот, грибов, растений и животных)	ОПК-1.2 Проводит наблюдение, описание, идентификацию и научную классификацию основных видов животных	современные подходы, характерные для биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой	Уметь проводить поиск научно-технической информации для решения задач профессиональной деятельности	Методами проведения научно-исследовательских работ в области биоинформатики
2	ОПК- 2	Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	ОПК-2.1 Использует специализированные знания фундаментальных разделов математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей) ОПК-2.4 Использует специализированные знания фундаментальных разделов биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	фундаментальные разделы математики для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин.	осуществлять поиск алгоритмов решения поставленной проблемной ситуации на основе доступных источников информации. Предлагать способы их решения	методикой разработки стратегии достижения поставленной цели как последовательности шагов, предвидя результат каждого из них и оценивая их влияние на внешнее окружение планируемой деятельности и на взаимоотношения участников этой деятельности

3	ОПК-3	Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	ОПК-3.3 Проводит обработку результатов эксперимента с использованием математических методов	применяемые в практике методы биоинженерии; основы биоинформатики; геномные технологии, применяемые в животноводстве; принципы современной биотехнологии, приемы генетической инженерии, основы молекулярного моделирования	получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой биологической информации; использовать современное научное оборудование в профессиональной области.	методами молекулярного моделирования различных биологических объектов и изучения динамики макромолекул
9 семестр						
4	ОПК-4	Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования	ОПК4.1 Использует методы биоинженерии и биоинформатики для получения биологических объектов с целенаправленными свойствами ОПК4.2 Проводит анализ результатов и методического опыта исследования по получению биологических объектов с целенаправленными свойствами, а также определяет практическую значимость проведенного исследования	Современные актуальные проблемы, основные открытия и методологические разработки в области биоинженерии и биоинформатики, и смежных наук для решения задач профессиональной деятельности	Анализировать тенденции развития научных исследований и практических разработок в области молекулярной биологии и генной инженерии, формулировать инновационные предложения для решения нестандартных задач, используя углубленную общенаучную и методическую специальную подготовку	Методами проведения научно-исследовательских работ в области биотехнологии, проведения корректной обработки результатов экспериментов

5	ОПК-5	Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа	ОПК-5.1 Находит и использует в профессиональной деятельности информацию, накопленную в биологических базах данных по структуре геномов, нуклеиновых кислот и белков ОПК-5.2 Владеет основными биоинформатическими средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информации, в том числе специализированным программным обеспечением ОПК-5.3 Анализирует большие массивы информации по биологическим объектам с использованием Big data	способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками;	находить и использует в профессиональной деятельности информацию, накопленную в биологических базах данных по структуре геномов, нуклеиновых кислот и белков	основными биоинформатическими средствами анализа геномной, структурной и другой биологической информации, в том числе специализированным программным обеспечением
6	ОПК-7	Способен понимать принципы работы современных информационных технологий и использовать их для решения задач профессиональной деятельности	ОПК-7.1 Понимает принципы работы современных информационных технологий ОПК-7.2 Использует современные информационные технологии при сборе, обработке, анализе, хранении, систематизации и представлении информации в профессиональной деятельности	принципы работы современных информационных технологий	методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.	современными информационными технологиями при сборе, обработке, анализе, хранении, систематизации и представлении информации в профессиональной деятельности

А семестр						
7	ПК-1	Способен планировать, организовывать и проводить работы в области селекции сельскохозяйственных животных с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	ПК – 1.1 Проводит работы по выведению и совершенствованию пород, типов и линий сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем в области животноводства	проводить поиск научно-технической информации для решения задач профессиональной деятельности	осуществлять информационно-технологическую поддержку в области племенного животноводства
8	ПК-2	Способен оценивать и применять результаты селекции сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	ПК-2.2 Моделирует различные варианты селекционных программ	методы исследования макромолекул и математических методов обработки результатов	оценивать и применять результаты селекции сельскохозяйственных животных и рыб с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин	навыками современных представлений о структурно-функциональной организации и генетической программ живых объектов и методами молекулярной биологии, генетики и биологии
9	ПК-3	Способен применять методы молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	ПК-3.1 Выявляет молекулярно-генетические механизмы, определяющие биологические и хозяйственно-полезные качества сельскохозяйственных животных, с использованием методов биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин ПК-3.2	методы молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	применять методы молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных	методами молекулярной генетики в селекции сельскохозяйственных животных

			Применяет молекулярно-генетические методы при оценке селекционно-племенной работы в животноводстве			
--	--	--	--	--	--	--

4. Объём, структура и содержание дисциплины

Общая трудоемкость дисциплины составляет 17 зачетных единицы, 612 часов.

Таблица 1

Объём дисциплины

	Всего	Количество часов***									
		в т.ч. по семестрам									
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	А
Контактная работа – всего, в т.ч.	242,6								92,2	84,2	66,2
<i>аудиторная работа:</i>	242								92	84	66
лекции	92								36	34	22
лабораторные	150								56	50	44
практические											
<i>промежуточная аттестация</i>	0,6								0,2	0,2	0,2
<i>контроль</i>	53,4								17,8	17,8	17,8
Самостоятельная работа	316								106	78	132
Форма итогового контроля	экзамен								Экз	Экз	Экз
Курсовой проект (работа)											

Структура и содержание дисциплины

№ п/п	Тема занятия Содержание	Неделя семестра	Контактная работа			Самостоятельная работа	Контроль	
			Вид занятия	Форма проведения	Количество часов		Вид	Форма

1	2	3	4	5	6	7	8	9
8 семестр								
1.	Введение в биоинформационный анализ в контексте племенного животноводства	1	Л	В	2	10	Т К	УО
2.	Введение в биоинформатику: знакомство с основными программами и базами данных	1	Л З	Т	4		Т К	ПО

1	2	3	4	5	6	7	8	9
3	Основы молекулярной генетики и их влияние на селекцию	2	Л	В	2	16	Т К	УО
4	Основы работы с базами данных: получение и поиск молекулярных данных для сельскохозяйственных животных	2	Л 3	Т	4		Т К	ПО
5.	Современные методы секвенирования ДНК и их применение в животноводстве	3	Л	В	4		Т К	УО
6	Работа с программой BLAST: поиск сходства последовательностей и их анализ	3	Л 3	Т	4		Т К	ПО
7	Генетическая диверсификация популяций и её роль в улучшении качеств	4	Л	В	2	10	ТК	УО
8	Оценка качества данных секвенирования с помощью FastQC.	4	Л 3	Т	4		Т К	ПО
9	Принципы геномной селекции для повышения продуктивности	5	Л	В	2	10	Т К	УО
1 0	Выравнивание последовательностей ДНК с использованием программы BWA	5	Л 3	Т	4		Т К	ПО
1 1	Применение SNP для генетического анализа в селекции	6	Л	В	2		Т К	УО
1 2	Анализ и визуализация данных секвенирования с помощью Galaxy	6	Л 3	Т	4		Т К	ПО
1 3	Технологии секвенирования нового поколения в аграрном секторе	7	Л	В	2	10	ТК	УО
1 4	Секвенирование ДНК с использованием программ Cutadapt и FastQC	7	Л 3	Т	4		Т К	ПО
1 5	Генетическое картирование и его применение в селекционном процессе	8	Л	В	2	10	Т К	УО
1 6	Использование базы данных NCBI GenBank для поиска и скачивания геномных данных	8	Л 3	Т	4		Т К	ПО
1 7	Роль генетических факторов в устойчивости к болезням	9	Л	В	2	10	Т К	УО
1 8	Изучение данных SNP в базе данных dbSNP для сельскохозяйственных животных	9	Л 3	Т	4		Т К	ПО
1 9	Молекулярно-генетическое тестирование для улучшения качественных характеристик продуктов	1 0	Л	В	2		Т К	УО
2 0	Генетическое выравнивание и анализ с использованием программы ClustalW	1 0	Л 3	Т	4		Т К	ПО
2 1	Влияние генетики на рост и развитие сельскохозяйственных особей	1 1	Л	В	2	10	Т К	УО
2 2	Построение филогенетических деревьев с использованием программы MEGA	1 1	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 3	Основные биоинформационные инструменты для анализа данных	1 2	Л	В	2		Т К	УО
2 4	Применение программы SAMtools для анализа и обработки данных выравнивания	1 2	Л 3	Т	4		Т К	ПО
2 5	Генетическая диагностика: роль и возможности	1 3	Л	В	2	10	Т К	УО
2 6	Использование программы GATK для вариантного анализа ДНК	1 3	Л 3	Т	4		Т К	ПО
2 7	Применение маркеров в селекции для улучшения желаемых признаков	1 4	Л	В	2		Т К	УО

1	2	3	4	5	6	7	8	9
28	Работа с данными микросателлитов с использованием программы Microsat	14	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
29	Геномные ассоциации для выявления признаков высокой продуктивности	15	Л	В	2		ТК	УО
30	Использование геномных данных для оценки прогресса в селекции	16	Л	В	2		ТК	УО
31	Влияние эпигенетики на продуктивные характеристики	17	Л	В	2	10	РК	УО
32	Выходной контроль				0,2	17,8	ВыхК	Э
Итого					92,2	106		
9 семестр								
1	Оценка племенной ценности с применением геномных технологий	1	Л	В	2	10	ТК	УО
2	Создание и анализ генетических карт с помощью программы MapDisto	1	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
3	Структура популяций и методы ее анализа с использованием генетических данных	2	Л	В	2		ТК	УО
4	Применение программ для анализа микробиоты с использованием QIIME2	2	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
5	Использование генетического анализа для мониторинга здоровья популяций	3	Л	В	2		ТК	УО
6	Использование базы данных Ensembl для поиска генетических данных сельскохозяйственных животных	3	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
7	Генетическая предрасположенность к стрессам и методы улучшения адаптации	4	Л	В	2	10	ТК	УО
8	Основы работы с биоинформатической платформой Galaxy для анализа данных NGS	4	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
9	Роль молекулярных исследований в улучшении шерстных качеств	5	Л	В	2	10	ТК	УО
10	Использование программы Plink для ассоциативного анализа и оценки вариативности	5	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
11	Интеграция молекулярных данных с фенотипическими для повышения эффективности селекции	6	Л	В	2		ТК	УО
12	Поиск и анализ молекулярных маркеров с использованием базы данных MarkerDB	6	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
13	Методы анализа генетических данных: от выравнивания до ассоциации	7	Л	В	2	10	ТК	УО
14	Оценка инбридинга и структуры популяций с использованием программы STRUCTURE	7	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
15	Применение биоинформатики для диагностики репродуктивных проблем	8	Л	В	2		ТК	УО
16	Сравнительный анализ геномов с помощью программы Mauve	8	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО
17	Использование данных о геномной экспрессии в племенном процессе	9	Л	В	2		ТК	УО
18	Применение программы VCFtools для анализа файлов VCF (Variant Call Format)	9	ЛЗ	Т	4		ТК	ПО

1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 9	Метагеномика и ее роль в оценке здоровья и микробиоты	1 0	Л	В	2	10	Т К	УО
2 0	Анализ и фильтрация данных с использованием программы VCFtools	1 0	Л 3	Т	4		Т К	ПО
2 1	Редактирование генома с использованием технологий CRISPR-Cas9	1 1	Л	В	2	10	Т К	УО
2 2	Статистический анализ данных секвенирования с использованием программы R и Bioconductor	1 1	Л 3	Т	4		Т К	ПО
2 3	Влияние генетического разнообразия на продуктивность	1 2	Л	В	2		Т К	УО
2 4	Построение молекулярных моделей с использованием программы PyMOL	1 2	Л 3	Т	4		Т К	ПО
2 5	Принципы сбора, хранения и анализа генетических данных	1 3	Л	В	2		Т К	УО
2 6	Использование программы BEDTools для работы с аннотированными геномами	1 3	Л 3	Т	4	10	Р К	ПО
2 7	Генетические основы адаптации к различным климатическим условиям	1 4	Л	В	2		Т К	УО
2 8	Прогнозирование заболеваний через молекулярные маркеры	1 5	Л	В	2		Т К	УО
2 9	Роль молекулярных маркеров в отслеживании родословных и генетической ценности	1 6	Л	В	2		Т К	УО
3 0	Методы оценки инбридинга и его влияния на популяции	1 7	Л	В	2	8	Т К	УО
3 1	Выходной контроль				0,2	17,8	В ы х К	Э
	Итого				84, 2	78		
А семестр								
1	Применение генетических технологий для повышения качества племенных стад	2 8	Л	В	2	20	Т К	УО
2	Применение программы TopHat для выравнивания РНК-секвенирования	2 8	Л 3	Т	2		Т К	ПО
3	Анализ экспрессии генов с использованием программы DESeq2 в R	2 8	Л 3	Т	2		Т К	ПО
4	Геномные ассоциации для оценки селекционного прогресса	2 9	Л	В	2		Т К	УО
5	Геномный анализ с использованием базы данных UniProt для изучения белков	2 9	Л 3	Т	2		Т К	ПО
6	Работа с программой BLAT для выравнивания геномных данных и аннотации	2 9	Л 3	Т	2		Т К	ПО
7	Применение биоинформатики в анализе молекулярных данных для селекции	3 0	Л	В	2		Т К	УО
8	Использование базы данных ArrayExpress для анализа данных микрочипов	3 0	Л 3	Т	2		Т К	ПО
9	Применение программы SIFT для предсказания функциональных последствий мутаций	3 0	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 0	Генетика иммунных реакций и повышение устойчивости	3 1	Л	В	2	20	Т К	УО

1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 1	Генетический анализ с использованием программы E-utilities для работы с данными NCBI	3 1	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 2	Использование программы FIMO для поиска мотивов в генетических последовательностях	3 1	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 3	Прогнозирование наследования признаков через молекулярные маркеры	3 2	Л	В	2	20	Т К	УО
1 4	Биоинформатический анализ микробиомы животных с использованием программы Qiime2	3 2	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 5	Использование базы данных KEGG для анализа пути метаболизма и сигнализации	3 2	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 6	Метагеномика в аграрной генетике	3 3	Л	В	2	20	Т К	УО
1 7	Визуализация данных с помощью программы Circos для анализа геномных данных	3 3	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 8	Использование программы Geneious для работы с секвенированными данными и молекулярной аннотацией	3 3	Л 3	Т	2		Т К	ПО
1 9	Использование молекулярных маркеров для контроля качества продукции	3 4	Л	В	2		Т К	УО
2 0	Анализ данных с помощью программы BEAST для построения филогенетических деревьев	3 4	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 1	Использование программы IGV для визуализации геномных данных и их анализа	3 4	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 2	Молекулярный скрининг для повышения качества продуктов животноводства	3 5	Л	В	2	20	Т К	УО
2 3	Оценка устойчивости животных к заболеваниям с использованием геномных данных и базы данных GeneCards	3 5	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 4	Использование базы данных SNPedia для анализа SNP-данных и их связи с заболеваниями	3 5	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 5	ДНК-биомаркеры как инструмент прогнозирования продуктивности	3 6	Л	В	2		Т К	УО
2 6	Работа с программой Tophat для анализа РНК-секвенирования	3 6	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 7	Экологическая геномика и ее влияние на животноводство	3 6	Л	В	2	20	Т К	УО
2 8	Изучение генетических вариантов с использованием программы Variant Effect Predictor (VEP)	3 7	Л 3	Т	2		Т К	ПО
2 9	Этические вопросы применения молекулярных технологий в племенном процессе	3 7	Л	В	2		Т К	УО
3 0	Использование базы данных NCBI для построения персонализированных генетических карт и анализа генов	3 7	Л 3	Т	2	12	Р К	Т
3 1	Выходной контроль				0,2	17,8	В ы х К	Э
	Итого				66, 2	132		
	Итого за 3 семестра				242 ,6			

Примечание:

Условные обозначения:

Виды аудиторной работы: Л – лекция, ЛЗ – лабораторное занятие.

Формы проведения занятий: В – лекция-визуализация, Т – лекция/занятие, проводимое в традиционной форме, ДИ – деловая игра.

Виды контроля: ТК – текущий контроль, РК – рубежный контроль, ВыхК – выходной контроль.

Форма контроля: УО – устный опрос, ПО – письменный опрос, Т – тестирование, Э – экзамен, З – зачет.

5. Образовательные технологии

Организация занятий по дисциплине «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» проводится по видам учебной работы: лекции, практические занятия, текущий контроль.

Реализация компетентного подхода в рамках специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» предусматривает использование в учебном процессе активных и интерактивных форм проведения занятий в сочетании с внеаудиторной работой для формирования и развития профессиональных навыков обучающихся.

Лекционные занятия проводятся в поточной аудитории с применением мультимедийного проектора в виде учебной презентации. Основные моменты лекционных занятий конспектируются. Отдельные темы предлагаются для самостоятельного изучения с обязательным составлением конспекта (контролируется).

Целью лабораторных занятий является выработка навыков проведения правильного чтения, всестороннего и обоснованного анализа работы молекулярно-генетической лаборатории, законодательно-правовых актов, методов молекулярно-генетического анализа племенной продукции.

Для достижения этих целей используются как традиционные формы работы - решение ситуационных задач, выполнение лабораторных работ, так и интерактивные методы - групповая работа, занятия-пресс-конференции.

Решение ситуационных задач позволяет обучиться правильной организации исследовательских и расчетных работ. В процессе решения задач студент сталкивается с ситуацией вызова и достижения, данный методический прием способствует в определенной мере повышению у студентов мотивации как непосредственно к учебе, так и к деятельности вообще.

Метод анализа конкретной ситуации в наибольшей степени соответствует задачам высшего образования. Он более, чем другие методы, способствует развитию у обучающихся изобретательности, умения решать проблемы с учетом конкретных условий и при наличии фактической информации.

Групповая работа при анализе конкретной ситуации развивает способности проведения анализа и диагностики проблем. С помощью метода анализа конкретной ситуации у обучающихся развиваются такие квалификационные качества, как умение четко формулировать и высказывать свою позицию, умение коммуницировать, дискутировать, воспринимать и оценивать информацию, поступающую в вербальной форме. Практические занятия проводятся в специальных аудиториях, оборудованных необходимыми наглядными материалами.

Самостоятельная работа охватывает проработку обучающимися отдельных вопросов теоретического курса, выполнение домашних работ, включающих решение задач, анализ конкретных ситуаций и подготовку их презентаций, и т.п.

Самостоятельная работа осуществляется в индивидуальном и групповом формате. Самостоятельная работа выполняется обучающимися на основе учебно-методических материалов дисциплины (приложение 2). Самостоятельно изучаемые вопросы курса включаются в экзаменационные вопросы.

6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

а) основная литература

№ п/п	Наименование, ссылка для электронного доступа или кол-во экземпляров в библиотеке	Автор(ы)	Место издания, издательство, год	Используется при изучении разделов (из п. 4, таб. 3)
1	2	3	4	5
1	Биоинформатика : учебно-методическое пособие [Электронный ресурс] : учебник https://e.lanbook.com/book/105971	Н. Ю. Часовских	Томск : СибГМУ, 2015	Все разделы (8, 9, А семестр)

б) дополнительная литература

№ п/п	Наименование, ссылка для электронного доступа или кол-во экземпляров в библиотеке	Автор(ы)	Место издания, издательство, год	Используется при изучении разделов (из п. 4, таб. 3)
1	2	3	4	5
1	Практикум по биоинформатике. Часть I: учебное пособие [Электронный ресурс]: учебное пособие https://e.lanbook.com/book/138707	Н. Ю. Часовских	Томск : СибГМУ, 2019	Все разделы (8, 9 семестр)
2	Практикум по биоинформатике. Часть II: учебное пособие [Электронный ресурс]: учебное пособие https://e.lanbook.com/book/138708	Н. Ю. Часовских	Томск : СибГМУ, 2019	Все разделы (9, А семестр)

в) ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

Для освоения дисциплины рекомендуются следующие сайты информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

- официальный сайт университета: <http://www.vavilovsar.ru>;
- Базы данных, информационно-справочные и поисковые системы, Агропоиск, полнотекстовая база данных иностранных журналов Doal, поисковые системы Rambler, Yandex, Google:
- <http://www.edu.ru> Российское образование. Федеральный портал
- <http://www.cnshb.ru/> Центральная научная сельскохозяйственная библиотека
- <http://www.rsl.ru> Российская государственная библиотека
- <http://elibrary.ru> Научная электронная библиотека
- <http://ebs.rgunh.ru/> Электронно-библиотечная система «AgriLib»
- <https://e.lanbook.com> Электронно-библиотечная система «Лань»
- <http://znanium.com/> Электронно-библиотечная система «Знаниум»

г) периодические издания

- Журнал «Аграрный научный журнал»/ библиотека Вавиловского университета
- Журнал «Главный зоотехник»/ библиотека Вавиловского университета
- Журнал «Генетика»/ библиотека Вавиловского университета

д) информационные справочные системы и профессиональные базы данных

Для пользования стандартами и нормативными документами рекомендуется применять информационные справочные системы и профессиональные базы данных, доступ к которым организован библиотекой университета через локальную вычислительную сеть.

Для пользования электронными изданиями рекомендуется использовать следующие информационные справочные системы и профессиональные базы данных:

1. Научная библиотека университета <https://www.vavilovsar.ru/biblioteka>

Базы данных содержат сведения о всех видах литературы, поступающей в фонд библиотеки. Более 1400 полнотекстовых документов (учебники, учебные пособия и т.п.) (доступ: с любого компьютера, подключенного к сети Internet).

2. Электронная библиотечная система «Лань» <https://e.lanbook.com>

Электронная библиотека издательства «Лань» – ресурс, включающий в себя как электронные версии книг издательства «Лань», так и коллекции полнотекстовых файлов других российских издательств (доступ: после регистрации с компьютера университета с любого компьютера, подключенного к сети Internet).

3. ЭБС IPR SMART <http://iprbookshop.ru>

ЭБС обеспечивает возможность работы с постоянно пополняемой базой лицензионных изданий (более 40000) по широкому спектру дисциплин – учебные, научные издания и периодика, представленные более 600 федеральными, региональными и вузовскими издательствами, научно-исследовательскими институтами и ведущими авторскими коллективами (доступ: после регистрации с компьютера университета с любого компьютера, подключенного к сети Internet).

4. ЭБС Znanium <https://znanium.ru>

Фонд ЭБС Znanium постоянно пополняется электронными версиями изданий, публикуемых Научно-издательским центром ИНФРА-М, коллекциями книг и журналов других российских издательств, а также произведениями отдельных авторов (доступ: с любого компьютера, подключенного к сети Internet; свободная регистрация).

5. Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU <http://elibrary.ru>

Российский информационный портал в области науки, медицины, технологии и образования. На платформе аккумулируются полные тексты и рефераты научных статей и публикаций (доступ: с любого компьютера, подключенного к сети Internet; свободная регистрация).

е) информационные технологии, используемые при осуществлении образовательного процесса:

программное обеспечение:

№ п/п	Наименование раздела учебной дисциплины (модуля)	Наименование программы	Тип программы
-------	--	------------------------	---------------

2	Все разделы дисциплины	<i>Вспомогательное программное обеспечение:</i> «Р7-Офис» Предоставление неисключительных прав на программное обеспечение «Р7-Офис». Лицензиат – ООО «Солярис Технолоджис», г. Саратов. Договор № ЦЗ-1К-033 от 21.12.2022 г. Срок действия договора: с 01.01.2023 г. Лицензия на 3 года с правом последующего бессрочного использования, для образовательных учреждений.	Вспомогательная
3	Все разделы дисциплины	<i>Вспомогательное программное обеспечение:</i> Kaspersky Endpoint Security (антивирусное программное обеспечение). Лицензиат – ООО «Солярис Технолоджис», г. Саратов. Сублицензионный договор № 6-1128/2023/КСП-107 от 11.12.2023 г. Срок действия договора: 01.01.2024– 31.12.2024 г.	Вспомогательная

7. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля)

Для проведения учебных занятий по данной дисциплине используются учебные аудитории №№ 109, 110, 111, 410, 432.

Учебные аудитории для проведения учебных занятий оснащены оборудованием и техническими средствами обучения: лабораторное оборудование (комплект «генетик»); соответ. химические реактивы; плакаты; для демонстрации медиаресурсов имеется телевизор и ноутбук, с возможностью подключения к сети «Интернет».

https://vavilovsar.ru/sveden/objects/cabinets/study_rooms.html,
https://vavilovsar.ru/sveden/objects/cabinets/practice_rooms.html.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся (№ 415 и читальный зал библиотеки) оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду университета:

https://vavilovsar.ru/sveden/objects/cabinets/study_rooms.html,
https://vavilovsar.ru/sveden/objects/cabinets/practice_rooms.html.

8. Оценочные материалы

Оценочные материалы, сформированные для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» разработан на основании следующих документов:

- Федерального закона Российской Федерации от 29.12.2012 N 273-ФЗ

«Об образовании в Российской Федерации» (с изменениями и дополнениями);

- приказа Минобрнауки РФ от 06.04.2021 № 245 «Об утверждении Порядка организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам высшего образования – программам бакалавриата, программам специалитета, программам магистратуры»;

Оценочные материалы представлены в приложении 1 к рабочей программе дисциплины и включают в себя:

- перечень компетенций с указанием этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы;

- описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания;

- типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующие этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы;

- методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта.

9. Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы

Перечень учебно-методического обеспечения самостоятельной работы представлен в приложении 2 к рабочей программе по дисциплине «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных».

10. Методические указания для обучающихся по изучению дисциплины «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных»

Методические указания по изучению дисциплины «Биоинформационный анализ молекулярно-генетических данных» включают в себя:

1. Краткий курс лекций (приложение 3).
2. Методические указания по выполнению лабораторных работ (приложение 4).

*Рассмотрено и утверждено
на заседании кафедры «Генетика,
разведение, кормление животных и аквакультура»
«14» мая 2024 года (протокол № 13)*