
УТВЕРЖДЕНА

Решением Ученого совета
АНО ВО «Центральный университет»
«25» мая 2026 г.
Протокол № 2

**Рабочая программа дисциплины (модуля)
«Биоинформатика в агробιοтехнологиях»**

Направление подготовки: 02.04.01 Математика и компьютерные науки

Направленность (профиль) подготовки: III в биотехе

Специализация: Прикладная биоинформатика

Квалификация (степень) выпускника: магистр

Форма обучения: очная

Срок освоения программы: 2 года

Год набора: 2026

**Москва
2026**

Содержание

1. Краткая характеристика дисциплины (модуля)	3
2. Перечень планируемых результатов обучения.....	5
3. Тематический план.....	8
4. Содержание дисциплины (модуля).....	8
5. Учебно-методическое обеспечение	10
6. Материально-техническое обеспечение	10
7. Методические и оценочные материалы	12

1. Краткая характеристика дисциплины (модуля)

Рабочая программа дисциплины (модуля) «Биоинформатика в агробиотехнологиях» составлена в соответствии с федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования – магистратура по направлению 02.04.01 Математика и компьютерные науки, профиль ИИ в биотехе, утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации № 810 от 23.08.2017 года.

Изучение дисциплины (модуля) «Биоинформатика в агробиотехнологиях» позволяет подготовить специалистов, способных эффективно использовать биоинформатические технологии для ускорения селекционных процессов, повышения устойчивости и продуктивности сельскохозяйственных видов; владение современными методами анализа геномных данных обеспечивает возможность выявлять генетические маркеры, оптимизировать стратегии генной инженерии и принимать научно обоснованные решения в агробиотехнологиях.

Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы

Настоящая дисциплина (модуль) включена в учебный план по программе подготовки магистратуры по направлению 02.04.01 Математика и компьютерные науки, профиль ИИ в биотехе и входит в обязательную часть Блока 1 как дисциплина по выбору, подлежащая обязательному изучению на специализации «Прикладная биоинформатика».

Дисциплина (модуль) изучается на 2 курсе в 3 семестре.

Цель изучения дисциплины (модуля): формирование у обучающихся систематических знаний и практических навыков в области биоинформатики, направленных на применение современных методов анализа геномных данных в агробиотехнологиях, включая селекцию, генетическую инженерию, изучение устойчивости растений и животных, а также интерпретацию результатов для принятия решений в сельском хозяйстве.

Задачи изучения дисциплины (модуля):

- освоить основные понятия, форматы данных и базы данных, используемые в биоинформатике сельскохозяйственных организмов;
- изучить принципы получения и обработки данных высокопроизводительного секвенирования (NGS) в агробиотехнологиях;
- научиться проводить анализ геномных, транскриптомных и вариативных данных для выявления генов, ассоциированных с хозяйственно ценными признаками;
- развить умение использовать биоинформатические инструменты для поддержки маркер-опосредованной селекции (MAS) и генного редактирования (CRISPR/Cas9);
- сформировать навыки визуализации, интерпретации и критической оценки биоинформационных данных в контексте сельскохозяйственных приложений.

В результате освоения дисциплины (модуля) обучающийся должен:

знать:

- основные понятия и термины биоинформатики (геном, транскриптом, протеом, SNP, аннотация генов, выравнивание последовательностей и др.);
- принципы организации и функционирования геномов сельскохозяйственных организмов;
- структуру и форматы биологических данных (FASTA, FASTQ, GenBank, GFF/GTF, BAM, VCF и др.);

- основные базы данных в биоинформатике: NCBI, Ensembl Plants, Phytosome, UniProt, KEGG, GO и др;
- методы сборки, аннотации и анализа геномных последовательностей;
- принципы работы с высокопроизводительным секвенированием (NGS): RNA-seq, WGS, RAD-seq и др;
- алгоритмы выравнивания последовательностей (BLAST, Smith-Waterman, Needleman-Wunsch);
- основы филогенетического анализа и построения эволюционных деревьев;
- методы анализа генетической изменчивости (SNP, SSR, CNV) в селекции;
- принципы использования биоинформатических инструментов в геномном редактировании (CRISPR/Cas9).

уметь:

- работать с биоинформационными базами данных для поиска и извлечения генетических и геномных данных;
- проводить базовую обработку данных NGS: контроль качества (FastQC), фильтрация, обрезка (Trimmomatic, Cutadapt);
- выполнять выравнивание последовательностей с использованием BLAST, Bowtie, BWA, HISAT2;
- анализировать данные RNA-seq для выявления дифференциально экспрессируемых генов (DESeq2, edgeR);
- интерпретировать результаты анализа SNP и других маркеров для ассоциативных исследований и маркер-опосредованной селекции (MAS);
- проводить функциональную аннотацию генов и анализ обогащения (GO, KEGG);
- строить филогенетические деревья и интерпретировать их в контексте сельскохозяйственных видов;
- использовать скриптовые языки (Python, R) для автоматизации биоинформационных задач;
- визуализировать биологические данные (геномные карты, тепловые карты, графики экспрессии);
- применять биоинформатические подходы для поддержки генной инженерии и редактирования генома.

владеть:

- навыками работы с командной строкой Linux в биоинформатических пайплайнах;
- практическим использованием популярных биоинформационных программ и пакетов (SAMtools, BEDTools, GATK, IGV);
- навыками анализа и интерпретации результатов биоинформационных исследований в агробιοтехнологиях;
- работой с облачными платформами и виртуальными средами (Galaxy, CyVerse, Google Colab);
- навыками подготовки научных отчётов и презентаций по результатам биоинформационного анализа;
- навыками критической оценки достоверности и применимости биоинформационных данных в сельском хозяйстве.

2. Перечень планируемых результатов обучения

Компетенции, формируемые в результате освоения дисциплины (модуля) при проведении учебных занятий в форме контактной работы обучающихся с педагогическими работниками Университета и в форме самостоятельной работы обучающихся:

Компетенция	Содержание компетенции	Индикатор компетенции	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю)
УК-1.	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий	УК-1.1.	Знает основные принципы системного подхода и методы критического анализа, а также теоретические основы стратегического планирования и принятия решений
		УК-1.2.	Умеет применять методы системного анализа для выявления ключевых проблемных ситуаций, формулировать гипотезы и разрабатывать альтернативные стратегии действий на основе полученных данных
		УК-1.3.	Имеет практический опыт в проведении анализа реальных проблемных ситуаций в рамках проектов, способен вырабатывать и обосновывать стратегии действий, учитывая различные аспекты и последствия
УК-3.	Способен решать задачи профессиональной деятельности и применять методы искусственного интеллекта в прикладных и фундаментальных исследованиях в области биологии, медицины или биотехнологий	УК-3.1.	Знает принципы и методы решения профессиональных задач, включая применение профильно-специализированных знаний в области ИИ для фундаментальных и прикладных исследований в области биологии, медицины или биотехнологий
		УК-3.2.	Умеет применять математические и компьютерные методы, формулировать результаты и анализировать их последствия для научных и практических решений
		УК-3.3.	Имеет опыт участия в проектах, где методы ИИ применялись для решения исследовательских и прикладных задач в области биологии, медицины или биотехнологий
ПК-1.	Способен определять общие формы и закономерности области искусственного	ПК-1.1.	Знает основные теоретические концепции и принципы искусственного интеллекта в биотехнологии, а также методы обработки, анализа и визуализации данных в биологии, медицине или биотехнологии

	интеллекта в биологии, медицине или биотехнологии, обрабатывать и интерпретировать данные биологических исследований	ПК-1.2.	Умеет проводить систематический анализ области профессиональной деятельности, выявлять закономерности и тенденции, моделировать основные биологические процессы и интерпретировать полученные результаты с использованием методов биоинформатики и искусственного интеллекта
		ПК-1.3.	Имеет практический опыт работы в области искусственного интеллекта в биотехнологии, включая участие в научных проектах, исследованиях или практических заданиях
ПК-2.	Способен математически корректно ставить и решать естественнонаучные и прикладные задачи в области биологии, медицины или биотехнологий	ПК-2.1.	Знает основные методы математического моделирования и теоретические основы современной биологии и биоинформатики, необходимые для корректной постановки задач
		ПК-2.2.	Умеет формулировать математические модели биологических процессов, выбирать адекватные методы решения и интерпретировать результаты в профессиональном контексте
		ПК-2.3.	Имеет практический опыт постановки и решения прикладных задач с использованием методов ИИ в области биологии, медицины или биотехнологий
ПК-3.	Способен решать задачи профессиональной деятельности и применять методы искусственного интеллекта в прикладных и фундаментальных исследованиях в области биологии, медицины или биотехнологий	ПК-3.1.	Знает принципы и методы решения профессиональных задач, включая применение профильно-специализированных знаний в области ИИ для фундаментальных и прикладных исследований в области биологии, медицины или биотехнологий
		ПК-3.2.	Умеет применять математические и компьютерные методы, формулировать результаты и анализировать их последствия для научных и практических решений
		ПК-3.3.	Имеет опыт участия в проектах, где методы ИИ применялись для решения исследовательских и прикладных задач в области биологии, медицины или биотехнологий

ПК-5.	Способен передавать результаты прикладных задач в виде профессиональных рекомендаций в области искусственного интеллекта, биоинформатики и биотехнологии	ПК-5.1.	Знает методы формулирования рекомендаций и терминологию области искусственного интеллекта и биоинформатики
		ПК-5.2.	Умеет интерпретировать результаты анализа и моделирования и формулировать рекомендации для практического применения в области биологии, медицины или биотехнологий
		ПК-5.3.	Имеет опыт разработки рекомендаций по результатам проектов в области искусственного интеллекта и биотехнологии

3. Тематический план

№ п/п	Наименование раздела дисциплины (модуля)	Трудоемкость, академические часы				ТКУ (текущий контроль успеваемости)
		Очная форма				
		Аудиторная работа		Контроль	Самостояте льная работа	
		Лекции	Семинары (практичес кие занятия)			
1	Основы биоинформатики и работа с геномными данными	8	8		12	Домашнее задание Тест Мини-проект
2	Анализ геномов и транскриптомов	7	7		12	Домашнее задание Тест Мини-проект
3	Генетический анализ и приложения в селекции	8	8		12	Домашнее задание Тест Мини-проект
4	Инструменты, микробиомы и визуализация	7	7		12	Домашнее задание Тест Мини-проект
	<i>Зачет с оценкой</i>			6		
<i>Итого:</i>		30	30	6	48	
<i>Объем дисциплины (модуля) (в ак. ч.)</i>		114				
<i>Объем дисциплины (модуля) (в зач. ед.)</i>		3				

4. Содержание дисциплины (модуля)

№п/п	Наименование раздела дисциплины (модуля)	Содержание дисциплины (модуля) по темам
1	Основы биоинформатики и работа с геномными данными	Введение в биоинформатику и её роль в агробиотехнологиях. Геномы сельскохозяйственных организмов: структура, особенности, проекты секвенирования. Форматы биологических данных и работа с базами данных. Контроль качества и предварительная обработка NGS-данных. Выравнивание последовательностей: алгоритмы и инструменты.
2	Анализ геномов и транскриптомов	Сборка геномов и транскриптомов de novo и с опорой на референс. Аннотация генов и функциональная интерпретация. Анализ экспрессии генов на основе RNA-seq.
3	Генетический анализ и приложения в селекции	Молекулярные маркеры в селекции: SNP, SSR, InDel. Филогенетический анализ и генетическая изменчивость сельскохозяйственных видов. Геномная селекция и GWAS (Genome-Wide Association Studies). Биоинформатика в геном редактировании (CRISPR/Cas9).

4	Инструменты, микробиомы и визуализация	Анализ микробиомов в аграрных системах. Работа с командной строкой Linux и автоматизация биоинформационных пайплайнов. Визуализация биологических данных и интерпретация результатов.
---	--	--

5. Учебно-методическое обеспечение

Университет располагает полным набором лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения, включая продукты отечественного производства.

Каждый студент в течение всего периода обучения получает индивидуальный неограниченный доступ к электронно-библиотечной системе и электронной информационно-образовательной среде университета. Эти системы предоставляют возможность доступа к ресурсам из любой точки, где есть подключение к сети Интернет, как на территории университета, так и за его пределами.

Студентам обеспечен удаленный доступ к современным профессиональным базам данных и информационным справочным системам.

Основная литература:

1. Иванищев, В. В. Молекулярная биология : учебник / В. В. Иванищев. — 2-е изд. — Москва : РИОР : ИНФРА-М, 2026. — (Высшее образование). — 233 с. — DOI: <https://doi.org/10.29039/01857-6>. - ISBN 978-5-369-01857-6. - Текст : электронный. - URL: <https://znanium.ru/catalog/product/2199640>.

2. Коничев, А. С. Молекулярная биология : учебник для вузов / А. С. Коничев, Г. А. Севастьянова, И. Л. Цветков. — 5-е изд. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 422 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-13468-1. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/586916>.

Дополнительная литература:

1. Трофимов, В. В. Цифровые технологии : учебник для вузов / В. В. Трофимов. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 141 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-21710-0. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/582239>.

6. Материально-техническое обеспечение

Университет располагает материально-технической базой, соответствующей действующим противопожарным правилам и нормам и обеспечивающей проведение всех видов дисциплинарной и междисциплинарной подготовки, практической и научно-исследовательской работ обучающихся, предусмотренных учебным планом.

Помещения, которые представляют собой учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского (практического) типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, а также помещения для самостоятельной работы и помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Помещения укомплектованы специализированной мебелью и техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Изучение дисциплины (модуля) обеспечивается в учебных аудиториях, оснащенных:

- столами и стульями;
- компьютерной техникой;
- механическими калькуляторами;

— специализированным оборудованием, включая демонстрационное оборудование.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся, в том числе приспособленные для использования инвалидами и лицами с ограниченными возможностями здоровья, оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду Университета.

Обучающимся предоставляется доступ (в том числе удаленный) к ресурсам информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», электронным ресурсам (в том числе электронным библиотечным системам, современным профессиональным базам данных и информационным справочным системам):

№	Наименование портала (издания, курса, документа)	Ссылка
1.	Научная электронная библиотека elibrary.ru библиотека	https://elibrary.ru/defaultx.asp
2.	База данных для IT-специалистов	https://habr.com
3.	База данных ScienceDirect	https://www.sciencedirect.com
4.	Официальный сайт Министерства науки и высшего образования Российской Федерации	https://minobrnauki.gov.ru/
5.	Федеральный портал «Российское образование»	https://www.edu.ru/
6.	Информационная система "Единое окно доступа к образовательным ресурсам"	http://window.edu.ru/
7.	Единая коллекция цифровых образовательных ресурсов	http://school-collection.edu.ru/
8.	Федеральный центр информационно - образовательных ресурсов	http://fcior.edu.ru/

Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), в том числе комплект лицензионного программного обеспечения, современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы:

Наименование ПО	Производство	Лицензионное / свободно распространяемое
Операционные системы:		
Microsoft Imagine (Windows Client, Server)	зарубежное	лицензионное
Браузеры:		
Яндекс.Браузер	отечественное	свободно распространяемое
Google Chrome	зарубежное	свободно распространяемое
Офисные приложения:		
Microsoft Imagine (Visio, OneNote)	зарубежное	лицензионное
TeXstudio	зарубежное	свободно распространяемое
Adobe Acrobat Reader	зарубежное	свободно распространяемое
Программное обеспечение для планирования и учета времени:		
Toggle app	зарубежное	свободно распространяемое
Системы управления проектами:		
Microsoft Imagine (Project)	зарубежное	лицензионное

Системы управления базами данных:		
Microsoft Imagine (SQL Server)	зарубежное	лицензионное
Системы резервного копирования (backup):		
Acronis Backup Advanced for HyperV	зарубежное	лицензионное
Справочно-правовые системы:		
КонсультантПлюс: справочно-правовая система	отечественное	лицензионное
Средства антивирусной защиты:		
Kaspersky Endpoint Security для бизнеса Стандартный Russian Edition	отечественное	лицензионное
Среды разработки:		
Visual Studio Code	зарубежное	свободно распространяемое
Bash (Unix shell)	зарубежное	свободно распространяемое
Anaconda	зарубежное	свободно распространяемое
Robotic Operating System	зарубежное	свободно распространяемое
CopelliaSim	зарубежное	свободно распространяемое
Google Colaboratory	зарубежное	свободно распространяемое
Пакеты программных средств и библиотек:		
AutoPsy	зарубежное	свободно распространяемое
Interactive Disassembler (IDA)	зарубежное	свободно распространяемое
Системы управления библиографической информацией:		
Zotero	зарубежное	свободно распространяемое
Сервисы и службы:		
Bind	зарубежное	свободно распространяемое
Docker	зарубежное	свободно распространяемое

7. Методические и оценочные материалы

Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

В процессе изучения дисциплины (модуля) «Биоинформатика в агробиотехнологиях» в рамках текущего контроля успеваемости используются такие виды учебной работы, как лекции, семинары, домашние задания, тесты, мини-проект, а также различные виды самостоятельной работы обучающихся по заданию преподавателя, направленные на развитие навыков профессиональной лексики, закрепление практических профессиональных компетенций, поощрение инициатив.

Лекция – систематическое, последовательное, монологическое изложение преподавателем учебного материала, как правило, теоретического характера.

В процессе лекций рекомендуется вести конспект лекций: кратко и схематично фиксировать основные идеи, выводы и обобщения лекции; выделять важные мысли, ключевые слова и термины. Необходимо отметить вопросы или материалы, которые вызывают затруднения, и попытаться найти ответы в рекомендованной литературе. Если разобраться в материале не удастся, следует сформулировать вопрос и задать его преподавателю на консультации или во время семинарского (практического) занятия.

Семинар – это форма учебной деятельности, проводимая в учебном заведении под

Электронный документ

руководством преподавателя, где студенты активно участвуют в обсуждениях, практических заданиях и других формах взаимодействия.

Для успешной подготовки к семинару рекомендуется заранее ознакомиться с темой занятия и основными материалами, чтобы иметь возможность активно участвовать в обсуждении. Также полезно подготовить вопросы и идеи для обсуждения, что поможет глубже понять материал и продемонстрировать заинтересованность.

Домашнее задание – набор задач по темам недели.

При работе над домашними заданиями важно внимательно ознакомиться с требованиями и сроками выполнения. Рекомендуется разбивать задания на этапы, чтобы избежать перегрузки и лучше усвоить материал, использовать различные источники информации, включая учебники и онлайн-ресурсы, для более глубокого понимания темы.

Тест – особая форма проверки знаний. Проводится после освоения одной или нескольких тем и свидетельствует о качестве понимания основных понятий изучаемого материала. Тестовые задания составлены к ключевым понятиям, основным разделам, важным терминологическим категориям изучаемой дисциплины.

Для подготовки к тесту необходимо знать терминологический аппарат дисциплины, понимать смысл научных категорий и уметь их использовать в профессиональной лексике. Владение понятийным аппаратом, включённым в тестовые задания, позволяет преподавателю быстро проверить уровень понимания студентами важных методологических категорий.

Мини-проект — это краткосрочная практическая работа в малых группах на семинарах, направленная на применение теоретических знаний для решения конкретных задач.

В ходе мини-проекта студенты проводят анализ проблемы, разрабатывают техническое решение и представляют результаты в виде отчета, модели или презентации. Такой формат способствует развитию навыков самостоятельной работы, критического мышления и командного взаимодействия.

Самостоятельная работа – работа студентов, направленная на углубленное изучение отдельных тем и вопросов учебной дисциплины (модуля).

В процессе самостоятельной работы студенты взаимодействуют с рекомендованными материалами при минимальном участии преподавателя. Задачи студента включают работу с конспектами лекций (обработка текста), повторное изучение учебных материалов планов и тезисов ответов, изучение дополнительных тем, выполнение учебно-исследовательских заданий и другое.

Система оценивания результатов обучения по дисциплине (модулю)

Критерии получения уровня и оценивания сформированности компетенций по дисциплине (модулю) «Биоинформатика в агробиотехнологиях»

Оценивание уровня учебных достижений обучающихся по дисциплине (модулю) осуществляется в виде текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации.

Промежуточная аттестация по дисциплине (модулю) осуществляется в форме *зачета с оценкой*, при этом проводится оценка компетенций, сформированных по дисциплине.

Для оценивания текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации

используется десятибалльная шкала оценивания, которая соотносится с традиционной пятибалльной шкалой следующим образом, если иное не указано в силлабусе дисциплины:

Десятибалльная оценка	Пятибалльная оценка	Общая характеристика результата обучения по дисциплине (модулю)
10	Отлично	Студент полностью владеет знаниями, изложенными в рабочей программе, и глубоко осмысляет дисциплину (модуль). Он самостоятельно и логически последовательно отвечает на все вопросы, акцентируя внимание на наиболее важном. Умеет анализировать, сравнивать, классифицировать, обобщать, конкретизировать и систематизировать изученный материал, выделяя ключевые моменты и устанавливая причинно-следственные связи. Четко формулирует ответы, уверенно интерпретирует результаты анализов и других исследований, а также решает сложные задачи. Студент хорошо знаком с методами исследования, необходимыми для практической деятельности, и умеет связывать теоретические аспекты дисциплины (модуля) с практическими задачами.
9	Отлично	
8	Отлично	
7	Хорошо	Студент обладает знаниями предмета почти в полном объеме рабочей программы и самостоятельно, логически последовательно и всесторонне отвечает на все вопросы, акцентируя внимание на наиболее значимых моментах. Он умеет анализировать, сравнивать, классифицировать, обобщать, конкретизировать и систематизировать изученный материал, выделяя его ключевые аспекты и устанавливая причинно-следственные связи. Формулирует свои ответы, уверенно интерпретирует результаты анализов и других исследований, а также решает сложные ситуационные задачи. Студент хорошо знаком с методами исследования, необходимыми для практической деятельности, и умеет связывать теоретические аспекты предмета с практическими задачами.
6	Хорошо	
5	Удовлетворительно	Студент обладает базовыми знаниями по дисциплине (модулю), но испытывает трудности при самостоятельных ответах и использует неточные формулировки. В ходе ответов он допускает ошибки, касающиеся сути вопросов. Студент способен решать только самые простые задачи и владеет лишь минимальным набором методов исследования.
4	Удовлетворительно	
3	Не сдан	Студент не овладел обязательным минимумом знаний по предмету и не может ответить на вопросы, даже если преподаватель задает дополнительные наводящие вопросы.
2	Не сдан	
1	Не сдан	

Дисциплина (модуль) «Биоинформатика в агробиотехнологиях» оценивается следующим образом:

Активность	Вес	Количество	Описание
Домашние задания	20%	10	Набор задач по темам недели
Тесты	20%	10	Форма проверки знаний студентов через ответы на вопросы с выбором из нескольких вариантов ответов
Мини-проект	20%	1	Краткосрочная практическая работа в малых группах на занятиях, направленная на решение конкретных задач
Зачет с оценкой	40%	1	Письменная или устная работа над заданием, направленным на проверку полученных знаний и навыков по дисциплине (модулю)

Формула расчёта итоговой оценки по дисциплине (модулю) «Биоинформатика в агробиотехнологиях»: $0,2 \times \text{Среднее за домашние задания} + 0,2 \times \text{Среднее за тесты} + 0,2 \times \text{Проект} + 0,4 \times \text{Зачет с оценкой}$.

Текущий контроль успеваемости обучающихся по дисциплине (модулю)

Примерные домашние задания

Домашнее задание 1. Основы биоинформатики и предобработка данных

1. Скачайте FASTQ-файлы RNA-seq данных пшеницы из базы данных SRA (например, проект SRP123456).
2. Используя FastQC, проведите контроль качества: оцените распределение качества, GC-состав, наличие адаптеров.
3. С помощью Trimmomatic или fastp выполните предобработку: удалите адаптеры, отфильтруйте низкокачественные риды ($Q < 20$), обрежьте по длине (не менее 50 п.н.).
4. Повторно запустите FastQC — сравните до и после.
5. Оформите краткий отчёт (1–2 стр.) с выводами: пригодны ли данные для дальнейшего анализа?

Домашнее задание 2. Анализ экспрессии генов (RNA-seq)

1. Выводите очищенные риды из ДЗ1 на референсный геном пшеницы (например, IWGSC) с помощью HISAT2.
2. Подсчитайте количество ридов на гены с помощью featureCounts.
3. Проведите анализ дифференциальной экспрессии в R с помощью DESeq2: сравните контроль и стресс-условие (например, засуха).
4. Постройте волканоplot и MA-plot.
5. Выделите 5 генов с наибольшим изменением экспрессии. Найдите их функции в базе данных Ensembl Plants или Phytozome.
6. Оформите отчёт с графиками и интерпретацией: какие биологические процессы затронуты?

Домашнее задание 3. Молекулярные маркеры и филогенетика

1. Скачайте VCF-файл с SNP у сортов риса из базы данных 3000 Rice Genomes Project.
2. Отфильтруйте варианты по качеству (QUAL > 30) и частоте.
3. Выберите 10 SNP, ассоциированных с устойчивостью к засухе (по литературе или базам).
4. Постройте филогенетическое дерево по SNP-данным с помощью MEGA или PhyML.
5. Оцените кластеризацию сортов: объединяются ли устойчивые сорта в одну группу?
6. Оформите краткий вывод: можно ли использовать эти маркеры для маркер-опосредованной селекции (MAS)?

Примерные задания для теста

Вопрос 1.

Какой формат используется для хранения выровненных ридов?

1. FASTA
2. VCF
3. BAM
4. GFF

Правильный ответ: 3

Вопрос 2.

Какой метод чаще всего используется для анализа дифференциальной экспрессии в RNA-seq?

1. BLAST
2. DESeq2
3. FastQC
4. Trimmomatic

Правильный ответ: 2

Вопрос 3.

Что такое SNP в контексте селекции?

1. Длинная некодирующая РНК
2. Одиночный нуклеотидный полиморфизм
3. Тип вектора для трансформации
4. Модификация гистонов

Правильный ответ: 2

Вопрос 4.

Какая база данных специализируется на геномах растений?

1. UniProt
2. Ensembl Plants
3. ClinVar
4. dbSNP

Правильный ответ: 2

Вопрос 5.

Какой инструмент используется для выравнивания ридов при RNA-seq?

1. BWA
2. HISAT2
3. GATK

4. SAMtools

Правильный ответ: 2

Примерное описание задания и критерии оценивания к мини-проекту

Студентам необходимо решить конкретную задачу в области агробиотехнологий с использованием биоинформатических инструментов.

Каждая группа получает готовый набор данных и инструкцию. Результат — краткое представление выводов (1–2 слайда или устно).

Примеры заданий:

- Сравнение экспрессии генов у устойчивых и чувствительных сортов к болезни.
- Поиск SNP-маркеров, ассоциированных с высокой урожайностью.
- Анализ филогенетических связей между сортами картофеля.
- Оценка влияния CRISPR-редактирования на экспрессию целевого гена (по моделированным данным).

Критерии оценивания:

1. Точность выполнения анализа
— Все шаги (предобработка, выравнивание, визуализация) выполнены корректно.
2. Биологическая обоснованность выводов
— Интерпретация соответствует данным и агробиологическому контексту.
3. Качество визуализации и оформления
— Графики понятны, подписаны, отражают суть задачи.
4. Работа в команде
— Все члены группы участвуют в анализе, задачи распределены.
5. Чёткость и логичность представления результатов
— Ответ структурирован: есть цель, метод, результат, вывод.

Задания для промежуточной аттестации по дисциплине (модулю)

№ п/п	Задание	Ответ	Компетенция
1.	Что такое геномная селекция?	Использование SNP для предсказания признаков	УК-1
2.	Какой формат хранит информацию о генах и их локализации?	GFF/GTF	УК-3
3.	Что такое RNA-seq?	Секвенирование РНК для анализа экспрессии	ПК-1
4.	Какой инструмент используется для выравнивания ридов?	HISAT2, BWA	ПК-2
5.	Что означает VCF?	Формат для хранения генетических вариантов	ПК-3

6.	Какой базой данных можно воспользоваться для анализа генома риса?	Phytozome	ПК-5
7.	Что такое SNP?	Одиночный нуклеотидный полиморфизм	УК-1
8.	Какой метод используется для сборки транскриптома?	Trinity, StringTie	УК-3
9.	Что позволяет выявить GWAS?	Ассоциации между SNP и признаками	ПК-1
10.	Какой инструмент подходит для анализа качества ридов?	FastQC	ПК-2
11.	Что такое функциональная аннотация?	Определение биологической роли гена	ПК-3
12.	Какой тест используется для анализа дифференциальной экспрессии?	Wald test (в DESeq2)	ПК-5
13.	Что такое MAS?	Маркер-опосредованная селекция	УК-1
14.	Какой ресурс содержит данные о метаболических путях?	KEGG	УК-3
15.	Что такое CRISPR/Cas9?	Система генного редактирования	ПК-1
16.	Какой инструмент используется для подсчёта ридов на гены?	featureCounts	ПК-2
17.	Что такое филогенетическое дерево?	Модель эволюционных связей между видами/сортами	ПК-3
18.	Какой формат используется для хранения последовательностей?	FASTA, FASTQ	ПК-5
19.	Что такое микробиом почвы?	Совокупность микроорганизмов в почве	УК-1
20.	Зачем нужна нормализация в RNA-seq?	Устранить технические различия между образцами	УК-3