

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Раджабов Агагомед Курбанович
Должность: И.о. директора института садоводства и ландшафтной архитектуры
Дата подписания: 17.07.2023 12:30:01
Уникальный программный ключ:
088d9d84706d89073c4a3aa1678d7c4c996222db

УТВЕРЖДАЮ:
Директор института садоводства
и ландшафтной архитектуры
А.К.Раджабов



«30» августа 2022 г.


Лист актуализации рабочей программы дисциплины «Б1.В.05 Геномика и протеомика»

для подготовки магистров
Направление: 35.04.05 «Садоводство»
Направленность: «Технологии ускоренной селекции растений»
Форма обучения очная
Год начала подготовки: 2021

Курс 1
Семестр 2


а) В рабочую программу не вносятся изменения. Программа актуализирована для 2022 г. начала подготовки.

Разработчик (и): С.Г.Монахос, д.с.-х.н., профессор
(ФИО, ученая степень, ученое звание)

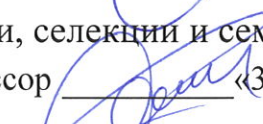

«29» августа 2022 г.

Рабочая программа пересмотрена и одобрена на заседании кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, протокол № 13 от «30» августа 2022 г.

Заведующий кафедрой С.Г.Монахос, д.с.-х.н., профессор



Заведующий выпускающей кафедрой ботаники, селекции и семеноводства садовых растений С.Г.Монахос, д.с.-х.н., профессор


«30» августа 2022г.



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ –
МСХА имени К.А. ТИМИРЯЗЕВА»
(ФГБОУ ВО РГАУ - МСХА имени К.А. Тимирязева)

Институт садоводства и ландшафтной архитектуры
Кафедра ботаники, селекции и семеноводства садовых растений

УТВЕРЖДАЮ:

И.О. директора института садоводства и
ландшафтной архитектуры

А.К. Раджабов

«23» августа 2021 г.



**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Б1.В.05 Геномика и протеомика**

для подготовки магистров

ФГОС ВО

Направление: 35.04.05 «Садоводство»

Направленность: «Технологии ускоренной селекции растений»

Курс 1

Семестр 2

Форма обучения: очная

Год начала подготовки: 2021

Москва, 2021

Разработчики: Монахос С.Г., д.с.-х.н., доцент



«29» июня 2021 г.

Рецензент: Терехова В.И., к.с.-х.н.
(ФИО, ученая степень, ученое звание)



(подпись)

«29» июня 2021 г.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению подготовки 35.04.05 «Садоводство» и учебного плана.

Программа обсуждена на заседании кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, протокол № 16 от «30» июня 2021 г.

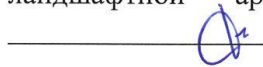
Зав. кафедрой Монахос С.Г., д.с.-х.н., доцент



«30» июня 2021

Согласовано:

Председатель учебно-методической комиссии института садоводства и ландшафтной архитектуры Самощенок Е.Г., к.с.-х.н., доцент



Заведующий выпускающей кафедрой ботаники, селекции и семеноводства садовых растений Монахос С.Г., д.с.-х.н., доцент



(ФИО, ученая степень, ученое звание) (подпись)

«29» июня 2021

Заведующий отделом комплектования ЦНБ



(подпись)

СОДЕРЖАНИЕ

АННОТАЦИЯ.....	4
1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ.....	4
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ	4
3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ, СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ.....	5
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	5
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЁМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ	5
ПО СЕМЕСТРАМ	5
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	8
4.3 ПРАКТИЧЕСКИЕ ЗАНЯТИЯ.....	11
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	13
6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ	14
6.1. ТИПОВЫЕ КОНТРОЛЬНЫЕ ЗАДАНИЯ ИЛИ ИНЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НЕОБХОДИМЫЕ ДЛЯ ОЦЕНКИ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ И НАВЫКОВ И (ИЛИ) ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ	14
6.2. ОПИСАНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ И КРИТЕРИЕВ КОНТРОЛЯ УСПЕВАЕМОСТИ, ОПИСАНИЕ ШКАЛ ОЦЕНИВАНИЯ	14
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	19
7.1 ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА	19
7.2 ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА.....	19
9 МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ, РЕКОМЕНДАЦИИ И ДРУГИЕ МАТЕРИАЛЫ К ЗАНЯТИЯМ.....	20
10. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....	20
10. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ОБУЧАЮЩИМСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ. .20	
Виды и формы отработки пропущенных занятий	Ошибка! Закладка не определена.
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ.....	Ошибка! Закладка не определена.

Аннотация

рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.05 «Геномика и протеомика» для подготовки магистра по направлению 35.04.05 «Садоводство» направленности «Технологии ускоренной селекции растений»

Цель освоения дисциплины: Целью освоения дисциплины является получение теоретических знаний и практических навыков в области геномики и протеомики. Знакомство с методами и технологиями геномики и протеомики и их применением для решения актуальных задач селекции.

Место дисциплины в учебном плане: дисциплина включена в часть, формируемую участниками образовательных отношений, учебного плана по направлению подготовки 35.04.05 «Садоводство»

Требования к результатам освоения дисциплины: в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: 2 профессиональные ПКос-1 (ПКос-1.1; ПКос-1.2; ПКос-1.3; ПКос-1.4); ПКос-2 (ПКос-2.1; ПКос-2.2; ПКос-2.3; ПКос-2.4).

Краткое содержание дисциплины:

Структурная геномика - молекулярные маркеры; - генетические карты; - флуоресцентная *in situ* гибридизация; - структура хромосом;

Сравнительная геномика - анализ полногеномного сиквенса; - сравнение полных геномов; - геномная синтения и эволюция;

Функциональная геномика - экспрессионный анализ микроаррей технологиями; - протеомика; - функциональный анализ генома случайным или целевым мутагенезом.

Общая трудоемкость дисциплины: 216/6 (часы/зач. ед.) в том числе 4 часа практической подготовки.

Промежуточный контроль: экзамен

1. Цель освоения дисциплины

Целью освоения дисциплины является получение теоретических знаний и практических навыков в области геномики и протеомики. Знакомство с методами и технологиями геномики и протеомики и их применением для решения актуальных задач селекции.

2. Место дисциплины в учебном процессе

Дисциплина «Геномика и протеомика» включена в часть профессионального цикла, формируемую участниками образовательных отношений (Б1.В.05). Реализация в дисциплине «Геномика и протеомика» требований ФГОС ВО, ОПОП и Учебного плана по направлению 35.04.05 «Садоводство» для подготовки магистров направленности «Технологии ускоренной селекции растений».

Предшествующими курсами, на которых непосредственно базируется дисциплина «Геномика и протеомика», являются «Методы молекулярной биологии в селекции», «Биоинформатика», «Генетические основы селекции овощных культур», «Генетические основы селекции плодовых и декоративных культур», «Селекция и сортоведение плодовых и декоративных культур».

Дисциплина «Геномика и протеомика» является основополагающей для изучения следующих дисциплин: «Тенденции в развитии технологий селекции и семеноводства».

Особенностью дисциплины является представление об основных методах и подходах геномики и протеомики; получение навыков работы с ключевыми биоинформатическими базами данных белков и нуклеиновых кислот; использования современных математических и статистических подходов в молекулярно – биологических исследованиях для решения широкого спектра задач: построение генетической карты, поиск кодирующих и регуляторных участков в ДНК; определение и исследование точечных мутаций; дизайн праймеров.

Рабочая программа дисциплины «Геномика и протеомика» для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья разрабатывается индивидуально с учетом особенностей психофизического развития, индивидуальных возможностей и состояния здоровья таких обучающихся.

3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Изучение данной учебной дисциплины направлено на формирование у обучающихся компетенций, представленных в таблице 1.

4. Структура и содержание дисциплины

4.1 Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Общая трудоёмкость дисциплины составляет 6 зач.ед. (216 часов) в том числе 4 часа практической подготовки, их распределение по видам работ семестрам представлено в таблице 2.

Таблица 1

Требования к результатам освоения учебной дисциплины

№ п/п	Код компетенции	Содержание компетенции (или её части)	Индикаторы компетенций	В результате изучения учебной дисциплины обучающиеся должны:		
				знать	уметь	владеть
1.	ПКос-1	Способен проводить полевые и лабораторные опыты с использованием традиционных и современных методов	ПКос-1.1 Проводит поиск и анализ данных (в том числе с использованием методов геномики и протеомики), научной литературы для достижения поставленной цели научного исследования	ключевые методы и технологии геномики и протеомики	использовать ключевые методы и технологии геномики и протеомики	навыками работы с ключевыми методами и технологиями геномики и протеомики
			ПКос-1.2 Организует закладку полевых и лабораторных опытов в рамках испытания растений и влияния условий на проявление их признаков и свойств	основные методы и подходы геномики и протеомики при работе с нуклеотидными последовательностями	использовать основные методы и подходы геномики и протеомики при работе с нуклеотидными последовательностями	навыками использования основных методов и подходов геномики и протеомики при работе с нуклеотидными последовательностями
			ПКос-1.3 Производит учеты и наблюдения в опытах для испытания растений с оценкой влияния условий на проявление признаков и свойств	алгоритм поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование точечных мутаций; предсказания строения и функций белков	Использовать алгоритм поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование точечных мутаций; предсказания строения и функций белков	навыками поиска кодирующих и регуляторных участков в ДНК, определения и исследование точечных мутаций; предсказания строения и функций белков
			ПКос-1.4 Определяет комплекс традиционных и современных (полевых и лабораторных) методов исследования для решения научных задач	программное обеспечение, современные математические и статистические подходы в молекулярно – биологических исследованиях	использовать программное обеспечение, современные математические и статистические подходы в молекулярно – биологических исследованиях	навыками использования программного обеспечения, современных математических и статистических подходов в молекулярно – биологических исследованиях

			Осуществляет информационный поиск по инновационным технологиям (элементам технологий), сортам и гибридам сельскохозяйственных культур	Основные базы данных нуклеиновых кислот и белков, научных статей в сети Интернет	Осуществлять критический анализ опубликованной информации, использовать данные нуклеиновых кислот и белков в анализе	Навыками использования поисковых систем, и программного обеспечения для анализа нуклеиновых кислот и белков в сети Интернет
2.	ПКос-2	Способен проводить научно-исследовательские работы в области садоводства в условиях производства	ПКос-2.2 Организует проведение экспериментов (полевых, лабораторных опытов) по оценке эффективности инновационных технологий (элементов технологий), сортов и гибридов в условиях производства	основные типы ДНК-маркеров и технологии молекулярного генотипирования	использовать основные типы ДНК-маркеров и технологии молекулярного генотипирования	навыками использования основных типов ДНК-маркеров и технологии молекулярного генотипирования
			ПКос-2.3 Проводит обработку результатов, полученных в опытах с использованием методов математической статистики	основное программное обеспечение и методы математической статистики в геномике	использовать основное программное обеспечение и методы математической статистики в геномике	навыками использования основного программного обеспечения методов математической статистики в геномике
			ПКос-2.4 Готовит заключения о целесообразности внедрения в производство исследованных технологий, сортов и гибридов растений на основе анализа опытных данных	основные типы картирующих популяций, методы их создания, использования для создания генетической карты	использовать основные типы картирующих популяций, методы их создания, использования для создания генетической карты	навыками использования данных молекулярного генотипирования для создания генетической карты

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 2

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ по семестрам

Вид учебной работы	Трудоёмкость
	час. Всего/ в том числе практическая подготовка
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	216/4
1. Контактная работа:	62,4/4
Аудиторная работа	
<i>в том числе:</i>	
<i>лекции (Л)</i>	12
<i>практические занятия (ПЗ)</i>	48/4
<i>консультации перед экзаменом</i>	2
<i>контактная работа на промежуточном контроле (КРА)</i>	0,4
2. Самостоятельная работа (СРС)	153,6
<i>самостоятельное изучение разделов, самоподготовка (проработка и повторение лекционного материала и материала учебников и учебных пособий, подготовка к лабораторным и практическим занятиям, коллоквиумам и т.д.)</i>	129
<i>Подготовка к экзамену</i>	24,6
Вид промежуточного контроля:	экзамен

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнённо)	Всего	Аудиторная работа			Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/ в том числе практическая подготовка	ПКР	
Раздел 1 Геномика и протеомика в селекции	216	12	48	2,4	153,6
Введение	7	2	2	-	3
Тема 1. Молекулярные маркеры	18	2	4	-	12
Тема 2. Генетические карты	22	2	6 /4	-	14
Тема 3. Флуоресцентная in situ гибридизация	16	-	4	-	12
Тема 4. Структура хромосом	18	-	6	-	12
Тема 5. Анализ полногеномного сиквенса	20	2	6	-	12
Тема 6. Полногеномное сравнение	22	2	6	-	14
Тема 7. Геномная синтения и эволюция	16	-	4	1	12
Тема 8. Экспрессионный анализ микроаррей технологиями	14	-	2	-	12
Тема 9. Протеомика	22	2	6	-	14
Тема 10. Функциональный анализ генома случайным или целевым мутагенезом	14	-	2	-	12
Консультация перед экзаменом	2	-	-	2	-
Контактная работа на промежуточном кон-	0,4	-	-	0,4	-

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнённо)	Всего	Аудиторная работа			Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/ в том числе практическая подготовка	ПКР	
трале (КРА)					
Подготовка к экзамену	24,6	-	-	-	24,6
Итого по дисциплине	216	12	48 /4	2,4	153,6

Раздел 1 Геномика и протеомика в селекции

Введение

Геномика – предыстория возникновения и направления исследований. Основные положения классической генетики. Предмет и методы геномики. Постулаты молекулярной генетики. Цель, задачи и секвенирование геномных последовательностей. Геномика, транскриптомика, протеомика. Содержание и организация геномной информации. Биоинформатика, анализ генных последовательностей. Биоинформатика – использование компьютерных технологий и программного обеспечения, математических методов о структуре, последовательности и экспрессии генов, о структуре и функции белков. Обработка информации и информационные технологии в биологии. База данных – GeneBank. (Национальный центр биотехнологической информации – NCBI). Аннотирование генных последовательностей. Ресурс BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).

Тема 1. Молекулярные маркеры

Типы молекулярных маркеров. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы). Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом индивида. Использование молекулярно-генетических маркеров в селекции.

Тема 2. Генетические карты

Физические и генетические карты хромосом. Принципы построения генетических карт. Единицы измерения генетического расстояния между маркерами. Ошибки при построении генетических карт. Недостатки генетических карт. Физические карты, единицы измерения расстояния между двумя маркерами. Сопоставление генетических и физических карт. Методы построения физических карт (секвенирование ДНК, STS-картирование, FISH-анализ). Картирование локусов количественных признаков (QTL).

Тема 3. Флуоресцентная in situ гибридизация

In situ-гибридизация как метод построения физических карт. Методы для обнаружения отдельных генов и оценки их функций (in situ гибридизация).

Тема 4. Структура хромосом

Морфология метафазных хромосом. Дифференциальная окраска метафазных хромосом. Уровни компактизации хромосомной ДНК, Микрохромосомы, В-хромосомы, Голоцентрические хромосомы, Хроматин.

Тема 5. Анализ полногеномного сиквенса

Секвенирование нового поколения. Методы секвенирования ДНК. Дидезоксирибонуклеотидный метод секвенирования. Стратегия секвенирования геномов. Анализ больших фрагментов ДНК. "Прогулки" и "прыжки" по хромосоме. Метод дробовика. Составление контигов. Проект Геном человека. Создание геномных библиотек. Типы генетических библиотек. Сборка геномов. Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скаффолды по библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.

Тема 6. Полногеномное сравнение

Аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции. Характеризация геномов по молекулярной массе, количеству генов и нуклеотидной последовательности. Выявление сходства и различия в организации геномов. Получение сведений об уникальных и гомологичных генах, о степени гомологии. Сравнение последовательностей. Ортологи. Паралоги. Ксенологи. Направления исследований: теория и практика. Происхождение и эволюция генов, геномов, метагеномика.

Тема 7. Геномная синтения и эволюция

Эволюция геномов. Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дупликации, с) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция. Пути эволюции геномов, происхождение генетического полиморфизма и биоразнообразия, роль горизонтального переноса генов.

Тема 8. Экспрессионный анализ микроаррей технологиями

Экспрессия генов и ее основные звенья. Особенности процесса экспрессии генов. Факторы транскрипции. Белки как результат генной экспрессии. Полиморфизм белков. Фолдинг белка. Молекулярные шапероны. Прионные белки. Функциональная геномика. Регуляторная, транскрибирующаяся, транслирующаяся части генома. Уровни исследования в функциональной геномике..

Тема 9. Протеомика

Протеомные данные. Масс-спектрометрия. Связь с геномами. "Трансляция" нуклеотидной последовательности в аминокислотную. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов". Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гелеэлектрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы. Базы данных аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-12

Prot, NCBI Protein Database. Белок-белковые взаимодействия. Белок-ДНКовые взаимодействия. Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq.

Тема 10. Функциональный анализ генома

Функции генов и белков; структурный анализ доменов и мотивов. Определение функций отдельных генов. Компьютерный анализ функции генов. Поиск гомологии и сравнительная геномика. Функциональный анализ путем инактивации генов. Инактивирование гомологичной и негомологичной рекомбинации, сверхэкспрессия генов, направленный мутагенез. Экспериментальные методы определения местоположения генов. Нозерн-гибридизация, гибридизация по Саузерну. Предсказание функции белков. Структурный анализ доменов и мотивов для предсказания функции белков.

4.3 Практические занятия

Таблица 4

Содержание лекций/лабораторного практикума/практических занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
	Раздел 1. Геномика и протеомика в селекции		ПКос-1, ПКос-2	устный опрос, контрольная работа 1, 2	60 /4
1	Введение	Лекционное занятие №1. Геномика	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №1. Геномика	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	2
2	Тема 1. Молекулярные маркеры	Лекционное занятие №2. Молекулярные маркеры	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №2-3. Молекулярные маркеры	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
3	Тема 2. Генетические карты	Лекционное занятие №3. Генетические карты	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №4-6. Генетические карты	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	6 /4
4	Тема 3. Флуоресцентная in situ гибридизация	Практическое занятие №7-8. Флуоресцентная in situ гибридизация	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
5	Структура хромосом	Практическое занятие №9-11. Структура хромосом	ПКос-1, ПКос-2	контрольная работа 1	6
6	Тема 5. Анализ полногеномного сиквенса	Лекционное занятие №4. Анализ полногеномного сиквенса	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №12-14. Анализ полногеномного сиквенса	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	6

№ п/п	Название раздела, темы	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во Часов/ из них практическая подготовка
7	Тема 6. Полногеномное сравнение	Лекционное занятие №5. Полногеномное сравнение	ПКос-1, ПКос-2		
		Практическое занятие №15-17. Полногеномное сравнение	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	6
8	Тема 7. Геномная синтения и эволюция	Практическое занятие №18-19. Геномная синтения и эволюция	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	4
9	Тема 8. Экспрессионный анализ микроаррей технологиями	Практическое занятие №20. Экспрессионный анализ	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	2
10	Тема 9. Протеомика	Лекционное занятие №6. Протеомика	ПКос-1, ПКос-2		2
		Практическое занятие №21-23. Протеомика	ПКос-1, ПКос-2	контрольная работа 2	6
11	Тема 10. Функциональный анализ генома случайным или целевым мутагенезом	Практическое занятие №24. Функциональный анализ генома случайным или целевым мутагенезом	ПКос-1, ПКос-2	устный опрос	2

Таблица 5

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
Раздел 1. Геномика и протеомика в селекции		
1.	Введение	Обработка информации и информационные технологии в биологии. База данных – GeneBank. (Национальный центр биотехнологической информации – NCBI). Аннотирование генных последовательностей. Ресурс BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). ПКос-1, ПКос-2
2.	Тема 1. Молекулярные маркеры	Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) ПКос-1, ПКос-2
3.	Тема 2. Генетические карты	Физические и генетические карты хромосом. Принципы построения генетических карт. ПКос-1, ПКос-2
4.	Тема 3. Флуоресцентная in situ гибридизация	In situ-гибридизация как метод построения физических карт. ПКос-1, ПКос-2
5.	Тема 4. Структура хромосом	Морфология метафазных хромосом. Дифференциальная окраска метафазных хромосом. Уровни компактизации хромосомной ДНК ПКос-1, ПКос-2

№ п/п	Название раздела, темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
6.	Тема 5. Анализ полногеномного сиквенса	Секвенирование нового поколения. Методы секвенирования ДНК. Дидезоксирибонуклеотидный метод секвенирования. Стратегия секвенирования геномов. Анализ больших фрагментов ДНК. ПКос-1, ПКос-2
7.	Тема 6. Полногеномное сравнение	Аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по регуляции. Характеризация геномов по молекулярной массе, количеству генов и нуклеотидной последовательности. ПКос-1, ПКос-2
8.	Тема 7. Геномная синтения и эволюция	Эволюция геномов. Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дупликации, с) пан-геномы. ПКос-1, ПКос-2
9.	Тема 8. Экспрессионный анализ микроаррей технологиями	Экспрессия генов и ее основные звенья. Особенности процесса экспрессии генов. Факторы транскрипции. Белки как результат генной экспрессии. Полиморфизм белков. ПКос-1, ПКос-2
10.	Тема 9. Протеомика	Протеомные данные. Масс-спектрометрия. Связь с геномами. "Трансляция" нуклеотидной последовательности в аминокислотную. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов". ПКос-1, ПКос-2
11.	Тема 10. Функциональный анализ генома случайным или целевым мутагенезом	Функции генов и белков; структурный анализ доменов и мотивов. Определение функций отдельных генов. Компьютерный анализ функции генов. Поиск гомологии и сравнительная геномика. Функциональный

5. Образовательные технологии

Таблица 6

Применение активных и интерактивных образовательных технологий

№ п/п	Тема и форма занятия	Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий (форм обучения)
1.	Введение	Л Проблемная лекция
2.	Тема 1. Молекулярные маркеры	ПЗ Интерактивная форма: мастер-класс
3.	Тема 2. Генетические карты	ПЗ Интерактивная форма: мастер-класс
4.	Тема 3. Флуоресцентная in situ гибридизация	ПЗ Круглый стол
5.	Тема 4. Структура хромосом	ПЗ Интерактивная форма: мастер-класс
6.	Тема 5. Анализ полногеномного сиквенса	Л Лекция-визуализация
7.	Тема 6. Полногеномное сравнение	Л Проблемная лекция
8.	Тема 7. Геномная синтения и эволюция	ПЗ Круглый стол
9.	Тема 8. Экспрессионный анализ микроаррей технологиями	ПЗ Круглый стол

6. Текущий контроль успеваемости и промежуточная аттестация по итогам освоения дисциплины

6.1. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений и навыков и (или) опыта деятельности

Вопросы для подготовки к контрольным мероприятиям (текущий контроль)

Контрольная работа №1

Вариант 1

1. Геномика, транскриптомика, протеомика.
2. Генетические карты
3. Принципы построения генетических карт.
4. Недостатки генетических карт.
5. Физические карты, единицы измерения расстояния между двумя маркерами.

Вариант 2

1. Методы построения физических карт (секвенирование ДНК, STS-картирование, FISH-анализ).
2. Картирование локусов количественных признаков (QTL).
3. Флуоресцентная *in situ* гибридизация
4. Структура хромосом

Вариант 3

1. Морфология метафазных хромосом.
2. Дифференциальная окраска метафазных хромосом.
3. Предмет и задачи геномики и протеомики
4. Источники данных. Секвенаторы второго поколения

Вариант 4

1. Методы установления первичной структуры ДНК.
2. Базы данных нуклеотидных последовательностей
3. Выравнивание нуклеотидных последовательностей
4. SNP (однонуклеотидные полиморфизмы)
5. Количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени)

Контрольная работа №2

Вариант 1

1. Сравнительная геномика
2. Функциональная аннотация генов по сходству и по ко-локализации
3. Аннотация генов по филогенетическим образцам и ко-регуляции
4. Инструменты сравнительной геномики

Вариант 2

1. Протеомные данные. Взаимосвязь геномики и протеомики
2. Масс-спектрометрия в протеомике
3. Основные методы протеомных исследований
4. Двумерный гель-электрофорез белков

Вариант 3

1. Выявление сходства и различия в организации геномов.
2. Сравнение последовательностей. Ортологи. Паралоги. Ксенологи.
3. Происхождение и эволюция генов, геномов, метагеномика.
4. Геномная синтения и эволюция

Вариант 4

1. Базы данных аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database.
2. Белок-белковые взаимодействия.
3. Белок-ДНКовые взаимодействия.

Перечень вопросов, выносимых на промежуточную аттестацию (экзамен)

1. Геномика – предыстория возникновения и направления исследований
2. Геномика, транскриптомика, протеомика
3. Содержание и организация геномной информации
4. Биоинформатика, анализ генных последовательностей
5. База данных – GeneBank (Национальный центр биотехнологической информации – NCBI)
6. Типы молекулярных маркеров
7. Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism)
8. Real-time ПЦР
9. Использование молекулярно-генетических маркеров в селекции
10. Генетические карты
11. Принципы построения генетических карт
12. Недостатки генетических карт
13. Физические карты, единицы измерения расстояния между двумя маркерами
14. Методы построения физических карт (секвенирование ДНК, STS-картирование, FISH-анализ)
15. Картирование локусов количественных признаков (QTL)
16. Флуоресцентная in situ гибридизация

17. In situ-гибридизация как метод построения физических карт
18. Структура хромосом
19. Морфология метафазных хромосом
20. Дифференциальная окраска метафазных хромосом
21. Уровни компактизации хромосомной ДНК
22. Микрохромосомы, В-хромосомы, голоцентрические хромосомы
23. Анализ полногеномного сиквенса
24. Секвенирование нового поколения
25. Методы секвенирования ДНК Дидезоксирибонуклеотидный метод секвенирования
26. Составление контигов
27. Создание геномных библиотек
28. Сборка геномов
29. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними
30. Полногеномное сравнение
31. Аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции
32. Характеризация геномов по молекулярной массе, количеству генов и нуклеотидной последовательности
33. Выявление сходства и различия в организации геномов
34. Сравнение последовательностей Ортологи Паралоги Ксенологи
35. Происхождение и эволюция генов, геномов, метагеномика
36. Геномная синтения и эволюция
37. Эволюция геномов Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дубликации, с) пан-геномы
38. Пути эволюции геномов, происхождение генетического полиморфизма и биоразнообразия, роль горизонтального переноса генов
39. Экспрессионный анализ микроаррей технологиями
40. Экспрессия генов и ее основные звенья
41. Факторы транскрипции
42. Функциональная геномика
43. Регуляторная, транскрибирующаяся, транслирующаяся части генома
44. Протеомика
45. Выравнивание аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов"
46. Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы
47. Базы данных аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database
48. Белок-белковые взаимодействия

49. Белок-ДНКовые взаимодействия
50. Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq
51. Функциональный анализ генома
52. Функции генов и белков; структурный анализ доменов и мотивов
53. Определение функций отдельных генов
54. Функциональный анализ путем инактивации генов
55. Инактивирование гомологичной и негомологичной рекомбинации, сверх-экспрессия генов, направленный мутагенез
56. Нозерн-гибридизация, гибридизация по Саузерну
57. Предмет и задачи геномики и протеомики
58. Источники данных Секвенаторы второго поколения
59. Методы установления первичной структуры ДНК
60. Базы данных нуклеотидных последовательностей
61. Выравнивание нуклеотидных последовательностей
62. Организация генома прокариот Минимальный бактериальный геном
63. Организация генома эукариотического организма
64. Структура про- и эукариотических генов
65. Протеомные данные Взаимосвязь геномики и протеомики
66. Масс-спектрометрия в протеомике
67. Основные методы протеомных исследований
68. Двумерный гель-электрофорез белков
69. Базы данных аминокислотных последовательностей
70. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей
71. Белок-белковые взаимодействия
72. Дрожжевые двугибридные системы
73. Метод фагового дисплея
74. Белковые чипы
75. Белок-ДНКовые взаимодействия: техники ChIP-Chip и ChIP-Seq
76. Сборка геномов
77. Физические и генетически карты геномов
78. Сравнительная геномика
79. Функциональная аннотация генов по сходству и по ко-локализации
80. Аннотация генов по филогенетическим образцам и ко-регуляции
81. Инструменты сравнительной геномики
82. Филогенетическая классификация белков
83. Программа HomoloGene для автоматической детекции гомологов
84. Эволюция геномов Методы реконструкции
85. Пути эволюции геномов
86. SNP (однонуклеотидные полиморфизмы)
87. Спейсеры генов рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа
88. Негеномные (постгеномные) данные

89. Метагеномика Секвенирование S РНК и других маркеров
90. Транскриптомика: методы идентификации активности генов
91. Основные методы транскриптомики
92. ДНК-микрочипы
93. Количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени)
94. РНК-интерференция
95. Методы дифференциального дисплея, RNAPol-ChIP
96. Протеомика Аннотация протеомов по масс-спектрометрическим данным
- 97 Жидкостная хроматография (FPLC, HPLC)

6.2. Описание показателей и критериев контроля успеваемости, описание шкал оценивания

Балльно-рейтинговая система оценки

Объем рейтинга составляет: за текущий контроль - 30% от нормативного рейтинга дисциплины, за рубежный контроль - 30% от нормативного рейтинга дисциплины и за итоговый контроль - 40% от нормативного рейтинга дисциплины.

Таблица 7

Система рейтинговой оценки

Оценочные средства		Баллы		
Устный опрос	0	2	4	5
Контрольная работа	0-4	5-6	7-8	9-10
Экзамен	0-8	9-13	14-17	18-20
Оценка	Неуд.	Удовл.	Хорошо	Отлично
Посещение лекций и практических занятий				
Посещаемость	≤85%	86-88%	89-91%	92-100%
Баллы	0	10	20	30

Посещаемость рассчитывается, как отношение числа пропущенных занятий к общему числу занятий.

Максимальное число баллов – 100

Для допуска к сдаче зачета с оценкой по дисциплине необходимо:

- фактический рейтинг семестрового контроля должен составлять более 50% от нормативного рейтинга семестрового контроля для дисциплины ($R_{\text{факт.сем}} > 50\%R_{\text{норм семестр}}$), т.е. должен быть достигнут пороговый рейтинг;
- должен быть выполнен объем аудиторных занятий (включая посещение лекций), предусмотренный учебным планом.

Рейтинговый балл, выставляемый студенту

Рейтинговый балл (в % от макс. балла за дисциплину)	Оценка по традиционной шкале
85,1-100%	Отлично
65,1 – 85 %	Хорошо
60,1 – 65 %	Удовлетворительно

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

1. Инге-Вечтомов, С.Г. Генетика с основами селекции: учебник для студентов ВУЗов / С. Г. Инге-Вечтомов. - 2-е изд. - Санкт-Петербург : Изд. Н-Л, 2010. - 718 с.
2. Смиряев, А.В. Основы биоинформатики: учебное пособие / А. В. Смиряев, Л. К. Панкина ; Московская сельскохозяйственная академия им. К. А. Тимирязева. - М. : МСХА, 2008. - 102 с.

7.2 Дополнительная литература

1. Браун, Т.А. Геномы / Т. А. Браун ; пер. с англ. А.А. Светлова, под ред. д.б.н., проф. А.А. Миронова. - Москва : Институт компьютерных исследований, 2011. - 921 с.
2. Прохоров, И.А. Селекция и семеноводство овощных культур : учебное пособие для с.-х. вузов по спец. "Плодоовощеводство и виноградарство" / И. А. Прохоров, А. В. Крючков, В. А. Комиссаров. - М. : Колос, 1981. - 447 с.
3. Общая селекция растений : учебник для вузов / Ю. Б. Коновалов, В. В. Пыльнев, Т. И. Хупацария, В. С. Рубец. — 3-е изд., испр. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 480 с. — URL: <https://e.lanbook.com/book/171892>
4. Практикум по селекции и семеноводству полевых культур : учебное пособие / В. В. Пыльнев, Ю. Б. Коновалов, Т. И. Хупацария [и др.]. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 448 с. — URL: <https://e.lanbook.com/book/168625>

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

1. Protein Data Bank, база данных PDB – <http://www.rcsb.org> (открытый доступ)
2. SWISS-PROT, UniProt the protein sequence data bank, база данных UniProt - <http://beta.uniprot.org> (открытый доступ)
3. База данных UniProt на сервере Европейского института геномики и протеомики (European Bioinformatics Institute, EBI) – <http://www.ebi.ac.uk/uniprot> (открытый доступ)
4. Базы данных Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервере ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарского Института Геномики и протеомики SIB - <http://www.expasy.org/sprot> (открытый доступ)
5. Классическая и молекулярная биология – <http://molbiol.ru> (открытый доступ)
6. Объединенный Центр вычислительной биологии и геномики, и протеомики, русскоязычный информационный сайт с вэб-адресами и краткой характеристикой молекулярно-биологических баз данных – <http://www.jcibi.ru> (открытый доступ)
7. Практическая молекулярная биология – <http://molbiol.edu.ru> (открытый доступ)

8. Сервер Национального центра биотехнологической информации США (NCBI): базы данных GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene и др. - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> (<http://www.pubmed.com>) (открытый доступ)

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

9 Методические указания, рекомендации и другие материалы к занятиям

Обязательное посещение лекций, практических и лабораторных занятий. Активное участие на занятиях. Тщательное выполнение рекомендаций преподавателя. Ведение подробного конспекта. Самостоятельная работа с основной и дополнительной литературой.

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

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

Таблица 8

Сведения об обеспеченности специализированными аудиториями, кабинетами, лабораториями

Наименование специальных помещений и помещений для самостоятельной работы (№ учебного корпуса, № аудитории)	Оснащенность специальных помещений и помещений для самостоятельной работы
Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, Читальные залы библиотеки	Столы, стулья, учебная литература
Общежитие. Комната для самоподготовки	Столы, стулья

10. Методические рекомендации обучающимся по освоению дисциплины

Основной объем материала студенту необходимо освоить самостоятельно в соответствии с темами для самостоятельной подготовки из таблицы 5. Студенты должны соблюдать дисциплину, вовремя приходить на занятия, предоставлять на проверку домашнюю работу, готовиться к проверочным и контрольным работам, предусмотренным курсом, проявлять активность на занятиях. Важное место в образовательном процессе занимает самостоятельная работа студентов. Для организации самостоятельной работы студентов по курсу используются современные информационные технологии: размещение в сетевом доступе комплексов учебных и учебно-методических материалов (программа, список рекомендуемой литературы и информационных ресурсов, задания для самоконтроля), свободный доступ к сети Интернет для работы с молекулярными базами данных.

Виды и формы отработки пропущенных занятий

Студент, пропустивший занятия, обязан предоставить и защитить реферат по пропущенной теме.

11. Методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине

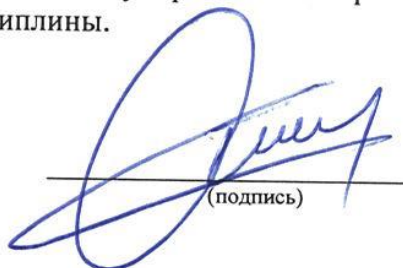
Педагог, проводящий занятия, должен обладать высокой квалификацией и опытом. Необходимо разобраться в нюансах работы, чтобы при необходимости была возможность исправить ошибку студента. Для успешного освоения предмета необходимо периодически организовывать обсуждения и дискуссии по темам дисциплины.

Все практические работы носят строго профессиональный характер. Навыки, полученные при выполнении этих работ, пригодятся студенту на всех этапах обучения, при подготовке выпускной работы магистра и в профессиональной деятельности.

При преподавании курса необходимо ориентироваться на современные образовательные технологии путем использования группового способа обучения на практических занятиях, разбора конкретных ситуаций и интерактивного обсуждения результатов исследовательских учебных работ. Реализация современного подхода должна обеспечиваться широким использованием активных интерактивных форм проведения занятий, посещение профильных научно-исследовательских учреждений и повысить интерес к изучению дисциплины. Задачей преподавателя является приведение максимального количества позитивных примеров учреждений и специалистов, добившихся высоких результатов в своих отраслях биотехнологии, для стимулирования интереса студентов к углубленному изучению данной дисциплины.

Программу разработал:

Монахос С.Г., д.с.-х.н., доцент



(подпись)

РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины
Б1.В.05 «Геномика и протеомика»

ОПОП ВО по направлению 35.04.05 «Садоводство», направленности «Технологии ускоренной селекции растений»
(квалификация выпускника – магистр)

Тереховой Верой Ивановной, доцентом кафедры овощеводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», кандидатом сельскохозяйственных наук (далее по тексту рецензент), проведена рецензия рабочей программы дисциплины «Геномика и протеомика» ОПОП ВО по направлению 35.04.05 - «Садоводство», направленности «Технологии ускоренной селекции растений» (квалификация выпускника – магистр) разработанной в ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», на кафедре ботаники, селекции и семеноводства садовых растений (разработчик Монахос Сократ Григорьевич, заведующий кафедрой ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, доктор сельскохозяйственных наук, доцент).

Рассмотрев представленные на рецензию материалы, рецензент пришел к следующим выводам:

1. Предъявленная рабочая программа дисциплины «Геномика и протеомика» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС ВО по направлению 35.04.05 - «Садоводство». Программа содержит все основные разделы, соответствует требованиям к нормативно-методическим документам.

2. Представленная в Программе **актуальность** учебной дисциплины в рамках реализации ОПОП ВО не подлежит сомнению – дисциплина относится к базовой части учебного цикла – Б1.

3. Представленные в Программе **цели** дисциплины соответствуют требованиям ФГОС ВО направления 35.04.05 - «Садоводство».

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Геномика и протеомика» закреплена 1 **компетенция**. Дисциплина «Геномика и протеомика» и представленная Программа способна реализовать их в объявленных требованиях. Результаты обучения, представленные в Программе в категориях знать, уметь, владеть соответствуют специфике и содержанию дисциплины и демонстрируют возможность получения заявленных результатов.

5. Общая трудоёмкость дисциплины «Геномика и протеомика» составляет 3 зачётных единицы (108 часов/из них практическая подготовка 4 часа).

6. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Дисциплина «Основы биотехнологии садовых культур» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 35.04.05 - «Садоводство» и возможность дублирования в содержании отсутствует.

7. Представленная Программа предполагает использование современных образовательных технологий, используемые при реализации различных видов учебной работы. Формы образовательных технологий соответствуют специфике дисциплины.

8. Программа дисциплины «Геномика и протеомика» предполагает 5 занятий в интерактивной форме.

9. Виды, содержание и трудоёмкость самостоятельной работы студентов, представленные в Программе, соответствуют требованиям к подготовке выпускников, содержащимся во ФГОС ВО направления 35.04.05 - «Садоводство».

10. Представленные и описанные в Программе формы *текущей* оценки знаний (опрос, как в форме обсуждения отдельных вопросов, так и участия в дискуссии, круглом столе, участие в тестировании), соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

11. Форма промежуточного контроля знаний студентов, предусмотренная Программой, осуществляется в форме зачета, что соответствует статусу дисциплины, как дисциплины базовой части учебного цикла – Б1 ФГОС ВО направления 35.04.05 - «Садоводство».

12. Формы оценки знаний, представленные в Программе, соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

13. Учебно-методическое обеспечение дисциплины представлено: основной литературой – 2 источника, дополнительной литературой – 4 наименования, Интернет-ресурсы – 9 источников и соответствует требованиям ФГОС ВО направления 35.03.05 - «Садоводство».

14. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины «Геномика и протеомика» и обеспечивает использование современных образовательных, в том числе интерактивных методов обучения.

15. Методические рекомендации студентам и методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине дают представление о специфике обучения по дисциплине «Геномика и протеомика».

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Геномика и протеомика» ОПОП ВО по направлению 35.04.05 - «Садоводство», направленности «Технологии ускоренной селекции растений (квалификация выпускника – бакалавр), разработанная Монахосом С.Г., д.с.-х.н., доцентом соответствует требованиям ФГОС ВО, современным требованиям экономики, рынка труда и позволит при её реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Терехова Вера Ивановна, к.с.-х.н., доцент кафедры овощеводства ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» _____ «29» июня 2021 г.


(подпись)