ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ
ИНСТИТУТ ОБЩЕЙ ГЕНЕТИКИ ИМ. Н.И. ВАВИЛОВА
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК
(ИОГен РАН)

УТВЕРЖДАЮ
директор ИОГен РАН
_____ А.В. Мисюрин
«_4_» _августа_ 2025 г.

ПРОГРАММА ПОВЫШЕНИЯ КВАЛИФИКАЦИИ «СЕКВЕНИРОВАНИЕ И АНАЛИЗ РАСТИТЕЛЬНОГО ГЕНОМА»

Москва 2025

1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОГРАММЫ

1.1. Аннотация программы

Настоящий курс создается в рамках мероприятий по реализации Указа Президента Российской Федерации от 28 ноября 2018 г. № 680 «О развитии генетических технологий в Российской Федерации» и постановления Правительства Российской Федерации от 22 апреля 2019 г. No 479 Об утверждении Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019 - 2030 годы. Курс создается для решения задачи упомянутой ФНТП «Подготовку научных кадров для проведения исследований (разработок) в области генетических технологий в целях получения результатов мирового уровня» в рамках работы по Соглашению о предоставлении из федерального бюджета грантов в форме субсидий в соответствии с пунктом 4 статьи 78.1 Бюджетного кодекса Российской Федерации от 29 мая 2025 г. № 075-15-2025-476. Данная программа повышения квалификации предназначена для подготовки и переподготовки специалистов в области генетических технологий. Программа включает в себя информацию по широкому кругу вопросов, связанных с использованием методов высокопроизводительного анализа генома при использовании в генетических технологиях. Программа направлена на подготовку и переподготовку специалистов в области генетических технологий. Программа позволяет получить современные практические знания по получению данных высокопроизводительного секвенирования, теоретические знания по современным методам обработки данных высокопроизводительного секвенирования, а также базовые практические навыки обработки данных. Программа сочетает в себе как обучение экспериментальным методам получения данных высокопроизводительного секвенирования, подготовку по теоретическим основам методов, так и практические занятия по обработке данных.

В случае успешного освоения программы слушателю выдается удостоверение о повышении квалификации.

1.2. Цели и задачи реализации программы

Целью программы является внедрение инструментов высокопроизводительного секвенирования и биоинформатического анализа данных для сопровождения решения задач геномики, в том числе, задач анализа пангеномов для нужд сельского хозяйства.

В задачи программы входит совершенствование компетенций, необходимых для решения задач в области геномики, а также формирование новых компетенций необходимых для профессиональной деятельности в области.

1.3. Планируемые результаты обучения

В результате освоения программы слушатель должен приобрести следующие знания, умения и опыт, необходимые для достижения планируемых результатов обучения:

Виды деятельности	**Профессиональные компетенции или трудовые функции** ***(формируются и (или) совершенствуются)***	**Знания**	**Умения**	**Практический опыт**
1. Анализ данных высокопроизво-дительного секвенирования.	Способен формулировать задачу в области анализа геномов и выбирать оптимальные подходы для решения поставленной задачи.	З1: Знает особенности данных секвенирования первого, второго и третьего поколений. З2: Знает основные принципы организации работ по анализу геномов и транскриптомов для решения задач связанных с генетическим редактированием. З3: Знает алгоритмы работы программ для анализа данных высокопроизводительного секвенирования.	У1: Умеет объяснять основные принципы лежащие в основе анализа данных высокопроизводительного секвенирования. У2: Умеет использовать полученные знания для оценки корректности опубликованных работ, оценки данных из публичных (общедоступных) баз данных, планирования экспериментов с использованием высокопроизводительного секвенирования, проведения обработки данных высокопроизводительного секвенирования для целей анализа геномов, транскриптомов. У3: Умеет читать современную литературу посвященную методам высокопроизводительного секвенирования и редактированию геномов.	В1: владеет навыками использования биоинформатических программ для анализа данных полученных с использованием высокопроизводительного секвенирования и редактирования геномов. В2: владеет основными представлениями о достижениях в сфере методов обработки данных высокопроизводительного секвенирования и В3: владеет навыками использования достижений биоинформатики и современных компьютерных технологий для решения научных и производственных задач, для сбора и анализа информации, создавать и пользоваться современными базами данных и другими биоинформационными ресурсами, в том числе новыми

				информационным и ресурсы.
2. Получение данных высокопроизводительного секвенирования.	Способен проводить процедуры подготовки образцов, постановку высокопроизводительного секвенирования, осуществлять контроль за процессом высокопроизводительного секвенирования.	З1: Знает принципы работы секвенаторов первого, второго и третьего поколений. З2: Знает протоколы подготовки образцов для секвенирования (выделение ДНК/РНК, создание библиотек). З3: Знает основы контроля качества данных секвенирования.	У1: Умеет подготавливать биологические образцы для секвенирования. У2: Умеет работать с оборудованием для секвенирования. У3: Умеет оценивать качество полученных данных секвенирования.	В1: Владеет навыками подготовки образцов для высокопроизводительного секвенирования. В2: Владеет навыками работы с секвенаторами различных типов. В3: Владеет навыками интерпретации результатов контроля качества секвенирования.

1.4. Нормативную правовую основу разработки программы составляют:

– Федеральный закон от 29 декабря 2012 г. № 273-ФЗ «Об образовании в Российской Федерации»;
– Приказ Минобрнауки России от 1 июля 2013 г. № 499 «Об утверждении Порядка организации и осуществления образовательной деятельности по дополнительным профессиональным программам»;
– Постановление Правительства Российской Федерации от 22 января 2013 г. № 23 «О Правилах разработки, утверждения и применения профессиональных стандартов»;
– Приказ Минтруда России от 12 апреля 2013 г. № 148н «О утверждении уровней квалификаций в целях разработки проектов профессиональных стандартов»;

Программа разработана на основе:

Профессионального стандарта «Специалист по научно-исследовательским и опытно-конструкторским разработкам» (утв. приказом Министерства труда и социальной защиты РФ от 4 марта 2014 г. № 121н)

1.5. Область применения программы (целевая аудитория)

Настоящая программа предназначена для специалистов, осуществляющих деятельность в сфере анализа живых систем.

Требования к слушателям (категории слушателей):
- высшее или средне-специальное образование,
- знания в области генетики и молекулярной биологии.
- практические навыки постановки ПЦР.

1.6. Реализация программы

Программа реализуется Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институтом общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук

Форма обучения слушателей программы: очная.

Трудоемкость программы: 72 часа.

Язык обучения: русский.

2. СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ

2.1. Учебный план.

№	Наименование разделов/тем программы	Трудоемкость (час.)	Всего контактной работы (час.)	в том числе (час.)			СРС (час.)	Форма аттестации
				ЛК	ПР	ЛБ		
1	Введение в высокопроизводительное секвенирование.	6	6	6	0	0	0	
2	Особенности строения и эволюции геномов растений.	2	2	2	0	0	0	
3	Основы работы в командной строке, программирования на bash и работы на сервере.	8	8	2	6	0	0	
4	Контроль качества данных высокопроизводительного секвенирования.	4	4	1	3	0	0	

5	Сборка геномов и транскриптомов.	8	8	2	6	0	0	
6	Картирование чтений.	4	4	1	3	0	0	
7	Структурная аннотация.	4	4	1	3	0	0	
8	Функциональная аннотация	3	3	1	2	0	0	
9	Поиск полиморфных позиций.	2	2	1	1	0	0	
10	Сравнение структуры геномов.	4	4	1	3	0	0	
11	Подготовка библиотек ДНК для секвенирования	8	8	2	0	6	0	
12	Подготовка библиотек кДНК для секвенирования.	8	8	2	0	6	0	
13	Постановка секвенирования.	4	4	1	0	3	0	
14	Итоговая аттестация	7	-	-			7	Итоговый проект
	Итого (час.)	75	65	23	27	15	7	

2.2. Календарный учебный график

Календарный учебный график формируется непосредственно при реализации программы.

2.3. Рабочая программа разделов

№	Наименование компонентов программы	Содержание учебного материала и формы организации деятельности слушателей	Всего (час.)
1	Анализ данных высокопроизводительного секвенирования.	Лекции – Введение в высокопроизводительное секвенирование. – Особенности строения и эволюции геномов растений. – Основы работы в командной строке, программирования на bash и работы на сервере. – Контроль качества данных высокопроизводительного секвенирования. – Сборка геномов и транскриптомов. – Картирование чтений. – Структурная аннотация. – Функциональная аннотация – Поиск полиморфных позиций. – Сравнение структуры геномов.	18
		Практическая работа, включая выполнение самостоятельных заданий. Практика – Работа на сервере с использованием командной строки Linux и языка программирования bush. – Фильтрация по качеству данных высокопроизводительного секвенирования. – Картирование данных высокопроизводительного секвенирования. – Поиск полиморфных сайтов на основе данных высокопроизводительного секвенирования. – Сборка геномов и транскриптомов.	27
	2. Получение данных высокопроизводительного секвенирования.	Лекции – Подготовка библиотек ДНК для секвенирования – Подготовка библиотек кДНК для секвенирования. – Постановка секвенирования.	5
		Практикумы – Подготовка библиотек ДНК для секвенирования – Подготовка библиотек кДНК для секвенирования. – Постановка секвенирования.	15
2	**Итоговая аттестация**		7
3	**Итого**		72

2.4. Оценка качества освоения программы

2.4.1. Форма аттестации и оценочные материалы

Итоговая аттестация осуществляется по результатам выполнения индивидуальных практических заданий. Для успешного прохождения программы слушатель должен успешно выполнить не менее 50% предложенных заданий.

2.4.2. Анализ удовлетворенности требований слушателей.

По итогам обучения проводится анкетирование слушателей для анализа удовлетворенности их требований к организации и качеству обучения.

3. ОРГАНИЗАЦИОННО-ПЕДАГОГИЧЕСКИЕ УСЛОВИЯ РЕАЛИЗАЦИИ ПРОГРАММЫ

3.1. Материально-техническое обеспечение

Наименование учебных помещений	Вид занятий	Наименование оборудования, программного обеспечения
Аудитория для проведения лекционных занятий, аудитория для проведения практических занятий.	Лекции, практикумы.	– Стационарный ПК или ноутбук, оснащенный выходом в сеть Интернет, и имеющий характеристики, достаточные для функционирования x64 ОС и прикладного программного обеспечения, с объемом оперативной памяти не менее 4 ГБ, свободным местом на жестком диске не менее 100 ГБ. – сервер с объемом оперативной памяти не менее 2 ТБ, не менее 256 вычислительных потоков, не менее 40 ТБ жестких дисков. – Программное обеспечение: Microsoft Windows версии 10 или более поздней, браузер. – Молекулярно-биологическое оборудование для подготовки библиотек и проведения секвенирование (Дозаторы на 10, 20, 200, 1000 мкл, штативы для эппендорфов, вортексы, амплификатор, твердотельный термостат, амплификатор для детекции прохождения ПЦР в реальном времени, камера для проведения горизонтального фореза в агарозном геле, ступки, секвенатор), и расходные материалы к ним.

3.2. Учебно-методическое обеспечение и информационное обеспечение

Перечень программного обеспечения (подлежит обновлению при необходимости).

NCBI SRA Toolkit https://github.com/ncbi/sra-tools/wiki/01.-Downloading-SRA-Toolkit#header-global

Fastp https://github.com/OpenGene/fastp

Seqtk https://github.com/lh3/seqtk

NCBI BLAST: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

Bowtie2: http://bowtie-bio.sourceforge.net/bowtie2/index.shtml

BWA MEM 2 https://github.com/bwa-mem2/bwa-mem2

Minimap2: https://github.com/lh3/minimap2

STAR: https://github.com/alexdobin/STAR

SAMtools, BCFtools: http://www.htslib.org/

Spades https://cab.spbu.ru/software/spades/

GetOrganelle https://github.com/Kinggerm/GetOrganelle

Tablet: https://ics.hutton.ac.uk/tablet/

IGV: https://software.broadinstitute.org/software/igv/home

Braker: https://github.com/Gaius-Augustus/BRAKER

Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем (подлежит обновлению при необходимости)

Базы данных национального центра биотехнологической информации (NCBI):

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/

Ensemble https://www.ensembl.org/index.html

cBioPortal for cancer genomics: http://www.cbioportal.org/

UCSC Genome Browser: https://genome.ucsc.edu/

7.3. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

https://david.ncifcrf.gov/

http://bioinfo.cau.edu.cn/agriGO/

3.3. Организация образовательного процесса

Основой программы являются лекционные и практические занятия. Часть учебного времени отводится на выполнение индивидуальных зачётных заданий.

3.4. Кадровое обеспечение образовательного процесса

Кадровое обеспечение программы осуществляют сотрудники ИОГен РАН и Центра молекулярной и клеточной биологии Сколтеха.

4. РУКОВОДИТЕЛЬ И РАЗРАБОТЧИКИ ПРОГРАММЫ

Руководитель программы:

Пенин Алексей Александрович, к.б.н., заведующий лабораторией геномики растений ИОГен РАН. Имеет более 15 лет опыта разработки курсов и преподавания компьютерных методов, методов геномного и генетического анализа для биологов. В том числе проводил занятия для кафедр генетики (2005-2020) и клеточной биологии и гистологии (2019-2021) биологического факультета МГУ, а также студентов МФТИ. Имеет опыт успешного руководства научными проектами поддержанными РФФИ и РНФ, которые были направлены на разработку новых методов анализа данных высокопроизводительного секвенирования и создания баз данных.

Разработчики программы.

Логачева Мария Дмитриевна, к.б.н., доцент Сколковского института науки и технологий. Занимается эволюционной и функциональной геномикой растений, реализовала ряд успешных научно-исследовательских проектов в области геномики растений и других приложений высокопроизводительного секвенирования. В 2018-2020 гг. - руководитель Центра коллективного пользования по геномике Сколтеха. Также имеет обширный преподавательский опыт в российских университетах (Сколтех, МФТИ, МГУ), и на краткосрочных курсах-интенсивах (BLASTIM, PCR.RU).

Клепикова Анна Владимировна, к.б.н., старший научный сотрудник лаборатории геномики растений ИОГен РАН. Имеет более 10 лет опыта преподавания в российских университетах (Сколтех, МГУ) и разработки курсов, в том числе по статистике с использованием языка R.

Касьянова Александра Михайловна, младший научный сотрудник лаборатории геномики растений ИОГен РАН. Имеет 3-летний опыт преподавания в российских университетах (Сколтех, МГУ).