

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Шитикова Александра Васильевна
Должность: И.о. директора института агробиотехнологии
Дата подписания: 17.07.2023 12:01:02
Уникальный программный ключ:
fcd01ecb1fdf76898cc51f245ad12c3f716ce658

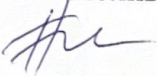
УТВЕРЖДАЮ:
И. о. директора института
агробиотехнологий Рябов Д.А.
«2» ноября 2022 г.



**Лист актуализации рабочей программы дисциплины
Б1.В.02 «Молекулярная биология с основами биоинформатики»**

для подготовки магистров
Направление: 35.04.04 – «Агрономия»
Направленность: «Генетика, селекция и семеноводство»
Форма обучения очная
Год начала подготовки: 2019
Курс 1
Семестр 2

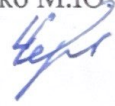
В рабочую программу не вносятся изменения. Программа актуализирована для 2022 г. начала подготовки.

Разработчик Поливанова Оксана Борисовна, кандидат биологических наук, доцент


«2» ноября 2022 г.

Рабочая программа пересмотрена и одобрена на заседании кафедры биотехнологии _____ протокол № 43 от «2» ноября 2022 г.

И.о. заведующего кафедрой биотехнологии к.б. н., доц. Чередниченко М.Ю.



Лист актуализации принят на хранение:

Заведующий выпускающей кафедрой генетики, селекции и семеноводства д-р биол. наук, проф. Пыльнев В.В. «2» ноября 2022 г.



Методический отдел УМУ: _____ « » _____ 202 г.



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)

Факультет агрономии и биотехнологии
Кафедра биотехнологии

УТВЕРЖДАЮ:

И.о. декана факультета агрономии и биотехнологии



Леунов В.И.
2019 г.

“ 27 ” 09

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
Б1.В.02 МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ С ОСНОВАМИ БИОИНФОР-
МАТИКИ**

для подготовки магистров

ФГОС ВО

Направление: 35.04.04 - Агрономия

Направленность: Генетика, селекция и семеноводство

Курс 1

Семестр 2

Форма обучения очная

Год начала подготовки 2019

Регистрационный номер _____

Москва, 2019

Разработчики: Поливанова О. Б., канд. биол. наук, старший преподаватель
«13» 09 2019г.

Рецензент: Тараканов И.Г., д-р биол. наук, профессор
«13» 09 2019г.

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению подготовки 35.04.04 - Агрономия и учебного плана.

Программа обсуждена на заседании кафедры Биотехнологии
протокол № 2 от «13» 09 2019г.

И.о. Зав. кафедрой Калашникова Е. А., д-р биол. наук, профессор
«13» 09 2019 г.

Согласовано:

Председатель учебно-методической комиссии
факультета Лазарев Н.И., д-р. с-х. наук, профессор
пр. № 1
«27» 09 2019 г.

И. о. заведующего выпускающей кафедрой генетики, селекции и семеноводства
Пыльнев В. В., д-р. биол. наук., профессор
«27» 09 2019г.

Зав.отдела комплектования ЦНБ

УН 0194
Бумажный экземпляр РПД, копии электронных вариантов РПД и оценочных средств получены:
Методический отдел УМУ

« » 201 г

Содержание

АННОТАЦИЯ	4
1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ.....	5
2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В УЧЕБНОМ ПРОЦЕССЕ.....	5
3. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ), СООТНЕСЕННЫХ С ПЛАНИРУЕМЫМИ РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	6
4. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	6
4.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРУДОЁМКОСТИ ДИСЦИПЛИНЫ ПО ВИДАМ РАБОТ	6
ПО СЕМЕСТРАМ.....	6
4.2 СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ	9
4.3 ЛЕКЦИИ/ЛАБОРАТОРНЫЕ/ПРАКТИЧЕСКИЕ/СЕМИНАРСКИЕ ЗАНЯТИЯ	13
5. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ	18
6. ТЕКУЩИЙ КОНТРОЛЬ УСПЕВАЕМОСТИ И ПРОМЕЖУТОЧНАЯ АТТЕСТАЦИЯ ПО ИТОГАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ.....	19
6.1. ТИПОВЫЕ КОНТРОЛЬНЫЕ ЗАДАНИЯ ИЛИ ИНЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НЕОБХОДИМЫЕ ДЛЯ ОЦЕНКИ ЗНАНИЙ, УМЕНИЙ И НАВЫКОВ И (ИЛИ) ОПЫТА ДЕЯТЕЛЬНОСТИ	19
6.2. ОПИСАНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ И КРИТЕРИЕВ КОНТРОЛЯ УСПЕВАЕМОСТИ, ОПИСАНИЕ ШКАЛ ОЦЕНИВАНИЯ.....	26
7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ.....	26
7.1 ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА	26
7.2 ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА	27
8. ПЕРЕЧЕНЬ РЕСУРСОВ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ», НЕОБХОДИМЫХ ДЛЯ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ).....	27
9. ОПИСАНИЕ МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЙ БАЗЫ, НЕОБХОДИМОЙ ДЛЯ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ	28
10. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ СТУДЕНТАМ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ.....	28
Виды и формы отработки пропущенных занятий.....	28
11. МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПРЕПОДАВАТЕЛЯМ ПО ОРГАНИЗАЦИИ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ	29

Аннотация

рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.02 «Молекулярная биология с основами биоинформатики» для подготовки магистров по направлению 35.04.04 - Агрономия направленности «Генетика, селекция и семеноводство»

Цель освоения дисциплины: формирование у обучающихся системы знаний о молекулярных механизмах генетических процессов, протекающих в клетках эукариот, прокариот и у вирусов. «Молекулярная биология с основами биоинформатики» дает базовые знания и понимание сложных биологических процессов взаимодействия ДНК и РНК в ходе биосинтеза белков на молекулярном и клеточном уровнях организации эукариот и прокариот и рассматривает переход от молекул ДНК и генов к системам (клетка, организм, популяция) через экспрессию генов и репликацию ДНК. Этот процесс отражает логику строения живых организмов и структуру современных биологических исследований. Также в рамках дисциплины рассматриваются базовые принципы анализа генетических последовательностей с использованием биоинформатических методов. Последние достижения в области молекулярной генетики открывают новые перспективы в медицине, селекции и биотехнологии в целом. Изучение молекулярной генетики является необходимым этапом подготовки современных специалистов в сфере биотехнологии. Рассмотрение генетических процессов на молекулярном уровне позволяет учащимся постепенно и более эффективно осваивать базовые принципы такой сложной дисциплины, как генетика.

Место дисциплины в учебном плане: дисциплина «Молекулярная биология с основами биоинформатики» включена в часть учебного плана, формируемую участниками образовательных отношений по 35.04.04 «Агрономия». Основой курса являются фундаментальные знания в области биохимии, молекулярной биологии, общей генетики, физиологии, цитологии. На курсе «Молекулярная биология с основами биоинформатики» в свою очередь базируются такие дисциплины, как «Современные проблемы биотехнологии», «Молекулярные и цитогенетические маркеры», «Геномика и протеомика», «Теория эволюции» и эффективная научно-исследовательская работа, в том числе над магистерской диссертацией.

Требования к результатам освоения дисциплины: в результате освоения дисциплины формируются следующие компетенции: УК-1.2; ПКос-3.1; ПКос-4.1; ПКос-6.1; ПКос-6.2; ПКос-8.2.

Краткое содержание дисциплины: в рамках дисциплины рассматриваются прикладные аспекты использования молекулярной генетики, современные методы молекулярной биологии. В ходе освоения учебной дисциплины студенты учатся анализировать связь между химическим составом, строением и функцией биомолекул, находить взаимосвязь между различными их классами в ходе процессов, протекающих в клетках. Предполагается, что студенты смогут применять полученные в ходе освоения учебной дисциплины знания в практической и научно-исследовательской работе, а также при изучении других биологических дисциплин. Таким образом, дисциплина «Молекулярная биология с основами

биоинформатики» имеет теоретическую и практико-ориентированную направленность. Дисциплина «Молекулярная биология с основами биоинформатики» позволяет сформировать у студентов четкие представления о принципах структурной организации, функциях и методах изучения нуклеиновых кислот, закономерностях основных молекулярно-генетических процессов, протекающих в клетках эукариот, прокариот и у вирусов: репликации, рекомбинации, мутации, репарации, транскрипции, сплайсинга и процессинга РНК, биосинтезе белка, а также механизмах их регуляции.

Общая трудоемкость дисциплины: 4 зачетных единицы (144 часа).

Промежуточный контроль: зачет.

Ведущие преподаватели: преподаватели кафедры биотехнологии, селекции факультета агрономии и биотехнологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева.

1. Цель освоения дисциплины

Цель освоения дисциплины – формирование у обучающихся системы знаний о молекулярных механизмах генетических процессов, протекающих в клетках эукариот, прокариот и у вирусов и приобретение практических навыков в области современной молекулярной биологии для успешного осуществления научно-исследовательской деятельности.

2. Место дисциплины в учебном процессе

Дисциплина «Молекулярная биология с основами биоинформатики» включена в часть учебного плана, формируемую участниками образовательных отношений, Учебного плана для подготовки магистров по программе «Генетика, селекция и семеноводство» по направлению подготовки 35.04.04 - Агрономия. Вопросы, рассматриваемые в рамках дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» реализуются в соответствии с требованиями ФГОС ВО, ООП ВО по направлению подготовки 35.04.04 - Агрономия.

Курс «Молекулярная биология с основами биоинформатики» базируется на таких дисциплинах, как «Физиология культурных растений», «Цитогенетика», «Биотехнология в селекции и семеноводстве», «Частная генетика и селекция».

Особенностью дисциплины является ознакомление студентов с методами, направленными на изучение научных и практических аспектов молекулярной генетики, используемых в сельскохозяйственной практике, растениеводстве, биотехнологии и селекции растений. Дисциплина является наукоемкой и комплексной, требующей базовых знаний по органической и неорганической химии, общей биологии.

Дисциплина «Молекулярная биология с основами биоинформатики» является основополагающей для изучения таких дисциплин, как «Геномика и протеомика», «Молекулярные и цитогенетические маркеры», «Эпигенетика».

Рабочая программа дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» 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 (модулю), 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 4 зач.ед. (144 часов), 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.	УК-1	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий	УК-1.2	Доступные источники информации для поиска вариантов решения проблем	Осуществлять поиск вариантов решения поставленной проблемной ситуации на основе доступных источников информации	Принципами поиска информации из доступных источников для решения поставленной проблемной ситуации
2.	ПКос-3	Способен осуществить организацию, проведение и анализ результатов экспериментов (полевых опытов)	ПКос-3.1	Принципы современных методов анализа растительных образцов	Проводить научные исследования с использованием современных методов анализа растительных образцов	современными методами анализа растительных образцов
3.	ПКос-4	Способен создавать модели технологий возделывания сельскохозяйственных культур, системы защиты растений, сорта	ПКос-4.1	Методы моделирования и принципы внедрения новых сортов сельскохозяйственных культур	Моделировать внедрение новых сортов сельскохозяйственных культур	Методами моделирования и принципами внедрения новых сортов сельскохозяйственных культур
4.	ПКос-6	Способен проводить консультации по инновационным технологиям в агрономии	ПКос-6.1	современные методов исследования	Проводить научную работу с использованием современных методов исследования	Навыками проведения научной работы с использованием современных методов исследования
			ПКос-6.2	научный и научно-производственный профиль своей профессиональной деятельности	Проявлять стремление к изменению научного и научно-производственного профиля своей профессиональной деятельности	Современными методами исследования

5.	ПКос-8	Способен разработать систему мероприятий по управлению качеством и безопасностью растениеводческой продукции	ПКос-8.2	Мировые достижения с использованием современных методов анализа и технологий	Планировать и проводить научные исследования на основе обобщения мировых достижений с использованием современных методов анализа и технологий	Навыками планирования и методами проведения научные исследования на основе обобщения мировых достижений с использованием современных методов анализа и технологий
----	--------	--	----------	--	---	---

Таблица 2

Распределение трудоёмкости дисциплины по видам работ

Вид учебной работы	Трудоёмкость
	час.
Общая трудоёмкость дисциплины по учебному плану	144
1. Контактная работа:	46,25
Аудиторная работа	46,25
<i>в том числе:</i>	
<i>лекции (Л)</i>	4
<i>практические занятия (ПЗ)/семинары (С)</i>	42
<i>лабораторные работы (ЛР)</i>	
<i>консультации перед экзаменом</i>	
<i>контактная работа на промежуточном контроле (КРА)</i>	0,25
2. Самостоятельная работа (СРС)	97,75
<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>	97,75
Вид промежуточного контроля:	зачет

4.2 Содержание дисциплины

Таблица 3

Тематический план учебной дисциплины

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнёно)	Всего	Аудиторная работа				Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/С	ЛР	ПКР	
Раздел 1 «Введение в молекулярную генетику».	9	1	2			6
Тема 1 Предмет, цели, задачи и основные методы молекулярной генетики	9	1	2			6
Раздел 2 «Структура и функции нуклеиновых кислот. Методы исследования ДНК и РНК»	17	1	4			12
Тема 2 Структура и свойства нуклеиновых кислот	8,5	0,5	2			6
Тема 3 Методы исследования нуклеиновых кислот	8,5	0,5	2			6
Раздел 3 «Организация геномов про- и эукариот»	16		4			12
Тема 4 Организация геномов прокариот	8		2			6
Тема 5 Организация геномов эукариот	8		2			6
Раздел 4 «Репликация ДНК. »	9,75		4			5,75
Тема 6 Общие механизмы репликации. Репликация у прокариот	4,75		2			2,75
Тема 7 Репликация у эукариот	5		2			3
Раздел 5 «Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации»	8		2			6

Наименование разделов и тем дисциплин (укрупнёно)	Всего	Аудиторная работа				Внеаудиторная работа СР
		Л	ПЗ/С	ЛР	ПКР	
Тема 8 Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации	8		2			6
Раздел 6 «Транскрипция и трансляция»	13	1	4			8
Тема 9 Транскрипция у про- и эукариот	6,5	0,5	2			4
Тема 10 Трансляция у про- и эукариот	6,5	0,5	2			4
Раздел 7 «Регуляция экспрессии генов»	13	1	4			8
Тема 11 Регуляция экспрессии генов	13	1	4			8
Раздел 8. «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве»	10		2			8
Тема 12 Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве	10		2			8
Раздел 9. «Введение в биоинформатику. Биологические базы данных и выравнивание последовательностей»	24		8			16
Тема 13 Биологические базы данных	12		4			8
Тема 14 Выравнивание нуклеотидных последовательностей. BLAST	12		4			8
Раздел 10. «Предсказание генов и промоторов. Молекулярная филогенетика»	24		8			16
Тема 15. Предсказание генов, промоторов и регуляторных элементов	12		4			8
Тема 16. Молекулярная филогенетика	12		4			8
<i>контактная работа на промежуточном контроле (КРА)</i>	0,25				0,25	
Всего за 2 семестр	144	4	42		0,25	97,75
Итого по дисциплине	144	4	42		0,25	97,75

Раздел 1 Введение в молекулярную генетику

Тема 1. Предмет, цели, задачи и основные методы молекулярной генетики

1. Предмет, цели и задачи молекулярной генетики, ее место в системе биологических наук.
2. Методы молекулярной генетики.

Раздел 2. Структура и свойства нуклеиновых кислот. Методы исследования нуклеиновых кислот.

Тема 2. Структура и свойства нуклеиновых кислот

1. Первичная структура молекул ДНК и РНК. Молекулярная и пространственная организация ДНК и РНК.
2. Типы ДНК и РНК и их распространенность.

Тема 3. Методы исследования нуклеиновых кислот

1. Методы гибридизации нуклеиновых кислот. ДНК зонды. Саузерн блоттинг.
2. Полимеразная цепная реакция, электрофорез нуклеиновых кислот.

3. Рестрикционный анализ ДНК. Молекулярные маркеры: SSN, SNP, RFLP, RAPID, SCAR, STS.
4. Секвенирование нуклеиновых кислот. Секвенирование по Сенгеру. методы секвенирования «нового поколения».
5. Технология рекомбинантных ДНК. Клонирование ДНК *in vivo*.
6. Клонирование и экспрессирующие векторы. Библиотеки геномной и кДНК.
7. Анализ экспрессии генов.

Раздел 3. Организация геномов про- и эукариот

Тема 4. Организация геномов прокариот

1. Структура бактериальной хромосомы. Последовательность геномов и число генов прокариот.
2. Оперонная организация генов прокариот.
3. Бактериальные плазмиды.

Тема 5. Организация геномов эукариот

1. Нуклеосома как единица укладки ДНК в хромосомах эукариот. Уровни укладки ДНК в хромосомах.
2. Контроль структуры хроматина.
3. ДНК митохондрий и хлоропластов.
4. Структура генома эукариот. Экзон-интронное строение генома эукариот.
5. Последовательности геномов и число генов эукариот.
6. Кластеры и повторы. Дубликация генов. Дивергенция последовательностей. Псевдогены. Сателлитные ДНК.

Раздел 4. Репликация ДНК

Тема 6. Общие механизмы репликации. Репликация у прокариот

1. Полуконсервативный механизм репликации ДНК. Опыты Мезельсон и Сталя.
2. Репликон. Внехромосомные репликоны.
3. Механизм репликации ДНК прокариот на примере *E. coli* – инициация, элонгация, терминация.
4. Взаимосвязь между репликацией и клеточным циклом у бактерий.

Тема 7. Репликация у эукариот

1. Классификация и многообразие ДНК-полимераз эукариот
2. Механизм репликации ДНК эукариот

Раздел 5. Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации

Тема 8. Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации

1. Возникновение мутаций.
2. Репарация ДНК.
3. Влияние мутаций на гены, клетки и организмы.
4. Гомологичная и сайт-специфичная рекомбинация.

Раздел 6. Транскрипция и трансляция

Тема 9. Транскрипция у про- и эукариот

1. РНК-полимеразы прокариот: роль в клетке, классификация, строение, функции отдельных субъединиц.

2. Инициация, элонгация и терминация транскрипции у про- и эукариот.
3. Процессинг: полиаденилирование, кэпирование, сплайсинг. Понятие об альтернативном сплайсинге.

Тема 10. Трансляция у про-и эукариот

1. Строение транспортной, матричной, рибосомальной РНК. Модифицированные нуклеотиды в РНК и их роль. Образование неканонических пар нуклеотидов в РНК.
2. Инициация, элонгация и терминация трансляции у эукариот и прокариот

Раздел 7. Регуляция экспрессии генов

Тема 11. Регуляция экспрессии генов

1. Уровни регуляции экспрессии генов. Положительная и отрицательная регуляция. Механизм регуляции lac-оперона и аттенуации trp-оперона. Энхансеры. Сайленсеры.
2. РНК-интерференция. Микро и малые интерферирующие РНК.

Раздел 8. Молекулярная генетика в медицине, промышленности и в сельском хозяйстве, криминалистике и науке

Тема 12. Молекулярная генетика в медицине, промышленности и в сельском хозяйстве, криминалистике и науке

1. Генетическая основа наследственных заболеваний и рака. Генная терапия.
2. Получение рекомбинантных белков с использованием микроорганизмов
3. Генетическая инженерия растений и животных
4. ДНК тесты в криминалистике
5. Исследование ДНК ископаемых останков
6. Этические вопросы современной молекулярной генетики

Раздел 9. Введение в биоинформатику. Биологические базы данных и выравнивание последовательностей

Тема 13 Биологические базы данных

1. Биоинформатика: цель, возможности, применение, ограничения.
2. Базы данных. Типы баз данных.
3. Биологические базы данных. Извлечение информации из биологических баз данных.

Тема 14. Выравнивание нуклеотидных последовательностей. BLAST

1. Выравнивание последовательностей
2. Основы эволюции. Гомология, подобие и идентичность последовательностей.
3. Методы. Матрица весов. Статистическая значимость выравнивания последовательностей.
4. Специфичные требования к поиску в базах данных. Эвристический поиск в базах данных.
5. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). FASTA.
6. Сравнение FASTA и BLAST. Поиск в базе данных методом Смита-Уотермана. Функция придания весов. Алгоритмы полного перебора. Эвристические алгоритмы.

Раздел 10. «Предсказание генов и промоторов. Молекулярная филогенетика»

Тема 15. Предсказание генов, промоторов и регуляторных элементов

1. Предсказание генов, промоторов и регуляторных элементов
2. Категории программ предсказания генов.
3. Предсказание генов в прокариотах.
4. Предсказание генов в эукариотах.
5. Промотор и регуляторные элементы в прокариотах.
6. Промотор и регуляторные элементы в эукариотах.
7. Алгоритмы предсказания.

Тема 16. Молекулярная филогенетика

1. Молекулярная эволюция и молекулярная филогенетика. Терминология.
2. Филогения генов vs. филогения видов.
3. Формы представления деревьев. Почему сложно найти правильное дерево? Процедура. Методы, основанные на расстоянии.
4. Методы, основанные на признаках.
5. Оценка филогенетических деревьев.
6. Филогенетические программы.

4.3 Лекции, практические и семинарские занятия

ОЧНАЯ ФОРМА ОБУЧЕНИЯ

Таблица 4

Содержание лекций, лабораторного практикума, практических занятий и семинарских занятий и контрольные мероприятия

№ п/п	№ раздела	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
1.	Раздел 1. «Введение в молекулярную генетику»				2
	Тема 1 «Предмет, цели, задачи и основные методы молекулярной генетики»	Лекция №1 «Введение в молекулярную генетику»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2		1
		Семинарское занятие № 1 «Введение в молекулярную генетику»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Коллоквиум	2
2.	Раздел 2. «Структура и функции нуклеиновых кислот. Методы исследования ДНК и РНК»				5
	Тема 2 «Структура и свойства нуклеиновых кислот»	Лекция № 2 «Молекулярная и пространственная организация ДНК и РНК»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2		0,5

№ п/п	№ раздела	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
		Практическое занятие № 1 «Молекулярная и пространственная организация ДНК и РНК»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач	2
	Тема 3 «Методы исследования нуклеиновых кислот»	Лекция № 3 «Методы исследования нуклеиновых кислот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2		0,5
		Практическое занятие № 2 «Методы исследования нуклеиновых кислот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач	2
3	Раздел 3 «Организация геномов про- и эукариот»				4
	Тема 4 «Организация геномов прокариот»	Семинарское занятие № 2 «Структура бактериальной хромосомы. Оперонная организация генов прокариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Коллоквиум	2
	Тема 5 «Организация геномов эукариот»	Практическое занятие № 3 «Нуклеосома как единица укладки ДНК. Структура генома эукариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии	2
4.	Раздел 4 «Репликация ДНК»				4
	Тема 6 «Общие механизмы репликации. Репликация у прокариот»	Практическое занятие № 4 «Общие механизмы репликации, репликация у прокариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач	2
	Тема 7 «Репликация у эукариот»	Практическое занятие № 5 «Репликация у эукариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач, тестирование	2
5.	Раздел 5 «Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации»				2
	Тема 8 «Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации»	Семинарское занятие № 3 «Механизмы репарации ДНК»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Коллоквиум	2
6.	Раздел 6 «Транскрипция и трансляция»				5

№ п/п	№ раздела	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
	Тема 9. «Транскрипция у про- и эукариот»	Лекция № 4 «Общие механизмы транскрипции и трансляции»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2		0,5
		Практическое занятие № 6 «Транскрипция у про-и эукариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач, тестирование	2
	Тема 10. «Трансляция у про-и эукариот»	Лекция № 5 «Трансляция у про-и эукариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2		0,5
		Практическое занятие № 7 «Трансляция у про-и эукариот»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач, тестирование	2
7.	Раздел 7 «Регуляция экспрессии генов»				3
	Тема 11 «Регуляция экспрессии генов»	Лекция № 6 «Регуляция экспрессии генов»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2		1
		Практическое занятие № 8 «Уровни регуляции экспрессии генов»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Ответ на занятии, решение задач	4
8.	Раздел 8. «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве»				2
	Тема 12 «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве»	Семинарское занятие № 4 «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Коллоквиум	2
9.	Раздел 9. «Введение в биоинформатику. Биологические базы данных и выравнивание последовательностей»				8
	Тема 13 Биологические базы данных	Практическое занятие № 9 «Биологические базы данных»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1,	Опрос по теме занятия, тестирование	4

№ п/п	№ раздела	№ и название лекций/ лабораторных/ практических/ семинарских занятий	Формируемые компетенции	Вид контрольного мероприятия	Кол-во часов
			ПКос-6.2, ПКос-8.2		
	Тема 14 Выравнивание нуклеотидных последовательностей. BLAST	Практическое занятие № 10 «BLAST и алгоритмы»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	Опрос по теме занятия	4
10.	Раздел 10. «Предсказание генов и промоторов. Молекулярная филогенетика»				8
	Тема 15. Предсказание генов, промоторов и регуляторных элементов	Практическое занятие № 11 «Предсказание генов, промоторов и регуляторных элементов»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	опрос по теме занятия	4
	Тема 16. Молекулярная филогенетика	Практическое занятие № 12 «Молекулярная филогенетика»	УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2	опрос по теме занятия	4

Таблица 5

Перечень вопросов для самостоятельного изучения дисциплины

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
Раздел 1 «Введение в молекулярную генетику»		
1.	Тема 1 Предмет, цели, задачи и основные методы молекулярной генетики	Значение молекулярной генетики для решения фундаментальных и прикладных задач сельского хозяйства медицины, биотехнологии (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2).
Раздел 2. «Строение нуклеиновых кислот. Методы исследования нуклеиновых кислот»		
2.	Тема 2 «Структура и свойства нуклеиновых кислот»	Компоненты молекул ДНК и РНК, типы химических связей в молекулах ДНК и РНК, Молекулярная и пространственная организация нуклеиновых кислот. Типы РНК и их распространенность (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
3.	Тема 3 «Методы исследования нуклеиновых кислот»	Рестрикционный анализ ДНК. Молекулярные маркеры: SSN, SCAR, STS. Биоинформационные методы анализа нуклеотидных последовательностей. Технология рекомбинантных ДНК. Клонирование ДНК <i>in vivo</i> . Клонирование и экспрессирующие векторы. Библиотеки геномной и кДНК. Анализ экспрессии генов (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
Раздел 3 «Организация геномов про- и эукариот»		
4.	Тема 4 «Организация геномов прокариот»	Последовательности геномов и число генов. Оперонная организация генов прокариот. Бактериальные плазмиды (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
5.	Тема 5 «Организация геномов эукариот»	Структура генома эукариот. Экзон-интронное строение генома эукариот Последовательности геномов и число генов эукариот,

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
		Кластеры и повторы. Дубликация генов. Дивергенция последовательностей. Псевдогены. Сателлитные ДНК. ДНК митохондрий и хлоропластов. Нуклеосома как единица укладки ДНК в хромосомах эукариот. Уровни укладки ДНК в хромосомах. Контроль структуры хроматина. Последовательности геномов и число генов эукариот (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2).
Раздел 4 «Репликация ДНК»		
6.	Тема 6 «Общие механизмы репликации. Репликация у прокариот»	Полуконсервативный механизм репликации ДНК. Опыты Мезельсон и Сталя. Механизм репликации ДНК прокариот на примере <i>E. coli</i> – инициация, элонгация, терминация. Взаимосвязь между репликацией и клеточным циклом у бактерий (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
7.	Тема 7 «Репликация у эукариот»	Генетическая и ферментативная регуляция клеточного цикла у эукариот Репликон. Внехромосомные репликоны (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
Раздел 5 «Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации»		
8.	Тема 8 «Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации»	Возникновение мутаций. Классификация мутаций. Влияние мутаций на гены, клетки и организмы. Влияние мутаций на гены, клетки и организмы. Репарация ДНК. Типы репарация ДНК. Гомологичная и сайт-специфичная рекомбинация (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2).
Раздел 6 «Транскрипция и трансляция»		
9.	Тема 9 «Транскрипция у про- и эукариот»	РНК-полимеразы прокариот. Функции отдельных субъединиц РНК-полимеразы. Инициация транскрипции у про- и эукариот. Промоторы про- и эукариот. Старт- и стоп-кодоны. Элонгация транскрипции у про- и эукариот. Процессинг: полиаденилирование, кэпирование, сплайсинг. Понятие об альтернативном сплайсинге (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
10.	Тема 10 «Трансляция у про- и эукариот»	Инициация трансляции у про- и эукариот. Элонгация трансляции у про- и эукариот. Терминация трансляции. Регуляции трансляции. Строение транспортной, матричной, рибосомальной РНК. Модифицированные нуклеотиды в РНК и их роль. Образование неканонических пар нуклеотидов в РНК (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
Раздел 7 «Регуляция экспрессии генов»		
11.	Тема 11 «Регуляция экспрессии генов»	Уровни регуляции экспрессии генов. Энхансеры. Сайленсеры. РНК-интерференция. Микро и малые интерферирующие РНК (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
Раздел 8. «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве»		
12.	Тема 12 «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и сельском хозяйстве»	Генетическая основа наследственных заболеваний и рака. Генная терапия. Получение рекомбинантных белков с использованием микроорганизмов. Генетическая инженерия растений и животных. ДНК тесты в криминалистике. Исследование ДНК ископаемых останков. Этические вопросы современной молекулярной генетики (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
Раздел 9. «Введение в биоинформатику. Биологические базы данных и выравнивание последовательностей»		

№ п/п	№ раздела и темы	Перечень рассматриваемых вопросов для самостоятельного изучения
13.	Тема 13 Биологические базы данных	Базы данных. Типы баз данных. Биологические базы данных. Извлечение информации из биологических баз данных (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
14.	Тема 14 Выравнивание нуклеотидных последовательностей. BLAST	Матрица весов. Статистическая значимость выравнивания последовательностей. Специфичные требования к поиску в базах данных. Эвристический поиск в базах данных. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). FASTA. Сравнение FASTA и BLAST. Поиск в базе данных методом Смита-Уотермана. Функция придания весов. Алгоритмы полного перебора. Эвристические алгоритмы (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
Раздел 10. «Предсказание генов и промоторов. Молекулярная филогенетика»		
15.	Тема 15. Предсказание генов, промоторов и регуляторных элементов	Категории программ предсказания генов. Предсказание генов в прокариотах. Предсказание генов в эукариотах. Промотор и регуляторные элементы в прокариотах. Промотор и регуляторные элементы в эукариотах. Алгоритмы предсказания (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..
16.	Тема 16. Молекулярная филогенетика	Молекулярная эволюция и молекулярная филогенетика. Терминология. Филогения генов vs. филогения видов. Формы представления деревьев. Почему сложно найти правильное дерево? Процедура. Методы, основанные на расстоянии. Методы, основанные на признаках. Оценка филогенетических деревьев. Филогенетические программы (УК-1.2, ПКос-3.1, ПКос-4.1, ПКос-6.1, ПКос-6.2, ПКос-8.2)..

5. Образовательные технологии

Таблица 6

Применение активных и интерактивных образовательных технологий

№ п/п	Тема и форма занятия		Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий
1.	Тема 2. «Структура и свойства нуклеиновых кислот»	ПЗ	Учебная дискуссия в ходе просмотра обучающих видеоматериалов
2.	Тема 5. «Организация геномов эукариот»	ПЗ	Разбор конкретных ситуаций, учебная дискуссия в ходе просмотра обучающих видеоматериалов
5.	Тема 9. «Транскрипция у про- и эукариот»	ПЗ	Учебная дискуссия в ходе просмотра обучающих видеоматериалов
7.	Тема 11. «Регуляция экспрессии генов»	Л	Учебная дискуссия в ходе просмотра обучающих видеоматериалов
8.	Тема 12 «Молекулярная генетика в медицине, промышленности и	С	Анализ конкретной ситуации, тематическая дискуссия

№ п/п	Тема и форма занятия	Наименование используемых активных и интерактивных образовательных технологий
	сельском хозяйстве»	

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

Оценка знаний студентов проводится в форме зачета. Студент допускается к зачету при условии выполнения практических работ и соответствующем посещении занятий. При большом количестве пропусков аудиторных занятий соответствующие темы проводятся по графику консультаций и обработок, разработанному на кафедре. Зачет проводится по установленной форме по билетам. Билет включает три вопроса.

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

1) Примерный перечень вопросов к опросу по разделу 2 «Строение нуклеиновых кислот. Методы исследования нуклеиновых кислот»

1. Химический состав и строение нуклеиновых кислот. Свойства нуклеиновых кислот.
2. Правило Чаргаффа.
3. Полиморфизм структуры ДНК.
4. Денатурация и ренатурация.
5. Гибридизация НК.
6. Отжиг НК.
7. Саузерн- и Нозерн-блоттинг.
8. Оптическая плотность.
9. Температура плавления ДНК.
10. Рестриктационный анализ ДНК.
11. Полимеразная цепная реакция. Модификации метода.
12. Правила подбора праймеров для проведения ПЦР.
13. Электрофорез нуклеиновых кислот.
14. Молекулярные маркеры: SSN, SNP, RFLP, RAPID, SCAR, STS.
15. Ферменты, применяемые в генетической инженерии. Рестриктазы. Классификация, роль и номенклатура рестриктаз.
16. Ферменты, применяемые в генетической инженерии. Лигазы и полимеразы.
17. Секвенирование нуклеиновых кислот.
18. Секвенирование по Сенгеру.
19. Методы секвенирования «нового поколения».
20. Технология рекомбинантных ДНК. Клонирование ДНК *in vivo*.
21. Клонирование и экспрессирующие векторы. Библиотеки геномной и кДНК.
22. Анализ экспрессии генов.

2) Примерный перечень вопросов к разделам 4 «Репликация ДНК» и 5 «Репарация и рекомбинация ДНК. Мутации»

1. Опыты Мезельсон и Сталя.
2. Типы репликации.
3. Ферменты репликации.
4. Понятие реплисомы.
5. Ориджин репликации *E. coli*.
6. Образование вилки репликации у прокариот.
7. Инициация репликации у *E. coli*. Ферменты репликации.
8. Топоизомеразы.
9. ДНК-полимеразы прокариот
10. Праймаза.
11. Геликаза.
12. Механизм репликации хромосомы *E. coli*.
13. Этапы репликации.
14. Элонгация.
15. Терминация репликации у прокариот.
16. ДНК-полимеразы эукариот: многообразие и классификация.
17. Особенности репликации у эукариот на примере *Saccharomyces cerevisiae*.
18. Репликация теломер. Проблема недорепликации. Теломераза.
19. Роль репарации в жизни клетки. Классификация механизмов репарации. Пруффридинг.
20. Фотореактивация.
21. Репарация алкилирующих повреждений.
22. Восстановление фосфодиэфирных связей
23. Прямое восстановление.
24. Темновая репарация димеров.
25. Репарация с помощью гликозилаз и AP-эндонуклеаз.
26. Мисмэтч-репарация.
27. Пострепликативная репарация.
28. Репарация двойных разрывов ДНК.
29. SOS-репарация.
30. Рекомбинация ДНК. Структура Холлидея.

3) Примерный перечень вопросов к разделам 9 «Введение в биоинформатику. Биологические базы данных и выравнивание последовательностей» и 10 «Предсказание генов и промоторов. Молекулярная филогенетика»

1. Типы баз данных.
2. Биологические базы данных.
3. Извлечение информации из биологических баз данных
4. Матрица весов.
5. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).
6. Алгоритмы полного перебора.
7. Эвристические алгоритмы.

8. Предсказание генов в прокариотах.
9. Предсказание генов в эукариотах.
10. Промотор и регуляторные элементы в прокариотах.
11. Промотор и регуляторные элементы в эукариотах.
12. Молекулярная эволюция и молекулярная филогенетика.
13. Методы, основанные на расстоянии.
14. Методы, основанные на признаках.
15. Оценка филогенетических деревьев.

4) Примерные задания

1. Нуклеотидная последовательность одной цепочки из двойной спирали ДНК: 5'-GGATTTTTGTCCACAATCA-3'. Какова будет последовательность комплементарной цепочки? В ДНК бактерии 13% всех нуклеотидов составляет аденин. каковы доли остальных нуклеотидов?
2. Сколько возможных нуклеотидных последовательностей Существует для нити ДНК в N нуклеотидов, если она а)однацепочечная, б) двуцепочечная?
3. Представьте, что можно сделать разрез ДНК в участке с определенной последовательностью нуклеотидов. Какова будет средняя длина такой последовательности (в нуклеотидах), чтобы в бактериальном геноме длиной в $3 \cdot 10^6$ возник всего один разрез? А в геноме клетки животного, который содержит $3 \cdot 10^9$ пар оснований?
4. Пара азотистых оснований А-Т удерживается двумя водородными связями. Водородные связи схожей силы могут возникать между другими парами нуклеотидов, такими как А-Г и А-С. Что произойдет, если такие пары образуются во время удвоения ДНК, а неправильные пары войдут в состав молекулы. Почему это происходит редко?
5. При повышении температуры раствора, содержащего в каком порядке будут расплавляться приведенные ниже молекулы ДНК:
5'-GCCGGCCAGCCCGAGTGGGTAGCCCAGG-3'
5'-АТТАТААААТАТТТАГАТАСТАТАТТТАСАА-3'
5'-AGAGCTAGATCGAT-3'?
6. CD диск хранит около $4,8 \cdot 10^9$ бит информации на площади 96 см^2 . Эта информация записана в виде двоичного кода. Как много бит понадобится для обозначения каждой нуклеотидной пары в последовательности ДНК? Сколько таких CD понадобится дл записи информации, хранящейся в геноме? Геном человека – $3 \cdot 10^9$ нуклеотидных пар.
7. Сколько всего образуется фрагментов ДНК, если разрезать человеческий геном с помощью рестриктазы NaeIII? EcoRI? NotI?
8. В ходе экспериментов было выделено небольшое количество редког белка. Белок был расщиплен на фрагменты при помощи протеаз., некоторые фрагменты были разделены хроматографическими методами и была определена аминокислотная последовательность данных фрагментов. К сожалению, удалось определить только 3 коротких фрагмента аминокислотной последовательности:
ТРИПТОФАН-МЕТИОНИН-ГИСТИДИН-ГИСТИДИН-ЛИЗИН

ЛЕЙЦИН-СЕРИН-АРГИНИН-ЛЕЙЦИН-АРГИНИН
ТИРОЗИН-ФЕНИЛАЛАНИН-ГЛУТАМИН-МЕТИОНИН-ГЛИЦИН

С помощью таблицы генетического кода составьте наборы ДНК зондов для каждого из пептидов, которые можно использовать для выявления этого гена в библиотеке кДНК путем гибридизации. Какой из наборов зондов имеет смысл использовать в первую очередь? Ответ пояснить. Было установлено, что глицин на конце белка 3 с-концевой, т. е. находится на конце белка. Как, учитывая это, можно составить олигонуклеотидный праймер для амплификации участка гена из библиотеки кДНК при помощи ПЦР?

Предположим, что с помощью ПЦР был получен фрагмент ДНК длиной 300 нуклеотидов. При определении последовательности нуклеотидов внутри был обнаружен фрагмент СТАТСАСГСТТТАСС. Какой из этого можно сделать вывод?

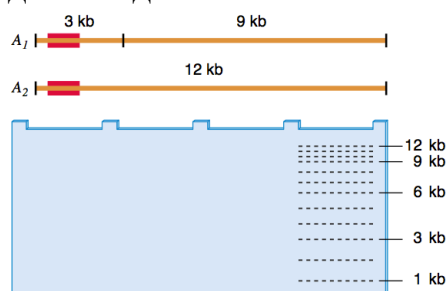
9. При обработке плазмиды размером 20 кб рестриктазами в смеси и по отдельности образовались следующие фрагменты:

EcoRI – 6 кб и 14 кб

HindIII – 7 кб и 13 кб

обе – 2 кб, 4 кб, 5 кб, 9 кб. Как много рестриктационных карт можно построить в соответствии с этими данными? Построить рестриктационные карты для каждого из возможных вариантов.

10. На представленной схеме отмечены позиции рестриктационных сайтов для соответствующего фермента рестрикции, которые могут присутствовать в соответствующем локусе человеческой хромосомы. ДНК, присутствующая в конкретной хромосоме, соответствует вариантам, изображенным на рисунке внизу и вверху. ДНК-зонд связывается в положении, обозначенном прямоугольником. В соответствии с RFLP анализам по этим фрагментам, возможно 3 генотипа. Что это за генотипы? Используйте символ A1 для обозначения фрагмента вверху и A2 для обозначения фрагмента внизу. Каким будет взаимное расположение полос на электрофорограмме для каждого из 3-х генотипов?



11. Какие из обозначенных последовательностей являются палиндромами, а какие нет? Ответ поясните. Символы, такие как (A T), означают, что сайт может быть занят (в данном случае) либо A, либо T, а N обозначает любой нуклеотид.

- 5'-AATT-3'
- 5'-AAAA-3'
- 5'-AANTT-3'

- d. 5'-AA(A T)AA-3'
- e. 5'-AA(G C)TT-3'

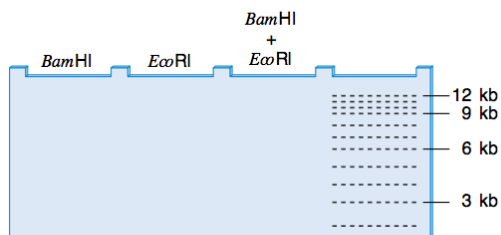
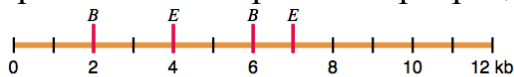
12. Следующий список дает половину каждого из последовательностей палиндромных сайтов рестрикции. Какова полная последовательность каждого сайта рестрикции? (N – любой нуклеотид)

- a. 1 5'-AA ?? - 3'
- b. 5'-ATG ??? - 3'
- c. 5'-GGN ?? - 3'
- d. 5'-ATNN ?? - 3'

13. Линейный фрагмент ДНК имеет сайты рестрикции для *Bam*HI (B) и *Eco*RI (E). Укажите на электрофорограмме расположения полос после обработки ДНК:

- a. *Bam*HI
- b. *Eco*RI
- c. *Bam*HI *Eco*RI вместе

Пунктирные линии справа – маркеры длины размером от 1 до 12 кб.



14. Какие виды аннотирования различают?

- а) автоматическое
- б) полуавтоматическое
- в) ручное
- г) все перечисленные виды

15. В каком журнале регулярно публикуется информация о биологических базах данных?

- а) Lancet
- б) Nucleic Acids Research
- в) Nature
- г) Biochemistry

16. Какая из перечисленных баз данных предоставляет информацию о метаболических путях?

- а) PDB
- б) GenBank
- в) UniProt
- г) KEGG

5) Примерный перечень вопросов к зачету по дисциплине

1. Химический состав и строение нуклеиновых кислот. Свойства нуклеиновых кислот.
2. Правила Чаргаффа. Полиморфизм структуры ДНК.
3. Денатурация и ренатурация. Гибридизация. Отжиг. Саузерн- и Нозерн-блоттинг..
4. Оптическая плотность. Температура плавления ДНК.
5. Полимеразная цепная реакция: принципы, этапы, параметры. Молекулярные маркеры, основанные на ПЦР: SSR, SNP. AFLP, RAPD.
6. Разделение фрагментов ДНК в агарозном геле: принцип, параметры. Маркер размеров.
7. Клонирование ДНК: методы трансформации плазмидами, получение геномной библиотеки с помощью плазмидных векторов. Рекомбинантная ДНК.
8. Методы секвенирования. Поколения секвенаторов.
9. Структура гена у про- и эукариот.
10. Структура генома: классификация кодирующих и некодирующих последовательностей.
11. Повторяющиеся последовательности в геноме и их роль.
12. Возможные механизмы репликации. Опыты Мезельсон и Сталя.
13. Типы репликации.
14. Ферменты репликации. Понятие реплисомы.
15. Строение ориджинов репликации *E. coli*.
16. Образование вилки репликации у прокариот.
17. Инициация репликации у *E. coli*. Ферменты репликации.
18. Топоизомеразы. ДНК-полимеразы прокариот
19. Праймаза. Геликаза. Механизм лигирования.
20. Механизм репликации хромосомы прокариот (на примере *E. coli*). Этапы репликации.
21. Элонгация. Присоединение дНТФ к ДНК. Роль атома магния.
22. Терминация репликации у прокариот.
23. ДНК-полимеразы эукариот: многообразие и классификация.
24. Особенности репликации у эукариот на примере
25. Репликация теломер. Проблема недорепликации. Теломераза.
26. Мутации. Классификация. Причины. Мутагены. Горячие точки и частота мутаций.
27. Рестриктазы: роль, классификация. Механизм и роль метилирования.
28. Использование рестриктаз в молекулярной биологии: получении рекомбинантных ДНК, RFLP- и AFLP-маркеры.
29. Роль репарации в жизни клетки. Классификация механизмов репарации.
30. Роль репарации в жизни клетки. Классификация механизмов репарации. Фотореактивация.
31. Роль репарации в жизни клетки. Классификация механизмов репарации.
32. Рекомбинация ДНК.
33. Химический состав и особенности структуры молекулы РНК.

34. Генетический код. Соответствие между аминокислотами и нуклеотидами. Гипотезы эволюции генетического кода. Открытые и закрытые рамки считывания.
35. Матричная РНК. Отличие пре-мРНК от мРНК.
36. Особенности структуры и химического состава тРНК. Образование некодирующих пар у РНК.
37. рРНК.
38. РНК-полимеразы прокариот. Роль в клетке, классификация, строение. Функции отдельных субъединиц.
39. Инициация транскрипции у про- и эукариот. Промоторы про- и эукариот. Старт- и стоп-кодона.
40. Элонгация транскрипции у про- и эукариот. Механизм нуклеофильной атаки и роль атома магния.
41. Транскрипция у эукариот – особенности, отличие от прокариот.
42. Терминация транскрипции у прокариот: типы терминации, роль ро-фактора.
43. Процессинг: полиаденилирование, экзонирование, сплайсинг. Понятие об альтернативном сплайсинге.
44. Регуляция транскрипции.
45. Строение рибосом у про- и эукариот.
46. Трансляция. Роль в жизни клетки. Этапы трансляции. Подготовительный стадии: образование аминоацил-тРНК.
47. Инициация трансляции у про- и эукариот. Узнавание мРНК и рибосом.
48. Элонгация трансляции у про- и эукариот.
49. Терминация трансляции. Ингибирование трансляции. Антибиотики.
50. Регуляции трансляции.
51. Уровни регуляции экспрессии генов. Механизм аттенуации. Энхансеры. Сайленсеры.
52. РНК-интерференция. Микро и малые интерферирующие РНК
53. Структура гена у про- и эукариот.
54. Структура генома: классификация кодирующих и некодирующих последовательностей.
55. Повторяющиеся последовательности в геноме и их роль.
56. Биоинформатика: цель, возможности, применение, ограничения.
57. Базы данных. Типы баз данных.
58. Биологические базы данных.
59. Извлечение информации из биологических баз данных.
60. Гомология, подобие и идентичность последовательностей.
61. Матрица весов. Статистическая значимость выравнивания последовательностей.
62. Эвристический поиск в базах данных.
63. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).
64. Формат FASTA.
65. Алгоритмы полного перебора.
66. Категории программ предсказания генов.
67. Предсказание генов в про- и эукариотах.

68. Промотор и регуляторные элементы в про- и эукариотах.
69. Молекулярная эволюция и молекулярная филогенетика.
70. Филогения генов vs. филогения видов.
71. Формы представления филогенетических деревьев.
72. Методы построения филогенетических деревьев, основанные на расстоянии.
73. Методы построения филогенетических деревьев, основанные на признаках.
74. Оценка филогенетических деревьев.
75. Филогенетические программы.

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

Для оценки знаний, умений, навыков и формирования компетенции по дисциплине применяется **традиционная** система контроля и оценки успеваемости студентов.

Зачет – «зачтено», «не зачтено».

Критерии оценивания результатов обучения

Таблица 7

Оценка	Критерии оценивания
Зачтено	заслуживает студент, освоивший знания, умения, компетенции и теоретический материал; выполнивший все задания, предусмотренные учебным планом; в основном сформировал практические навыки.
Не зачтено	заслуживает студент, не освоивший знания, умения, компетенции и теоретический материал, учебные задания не выполнил, практические навыки не сформированы.

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

7.1 Основная литература

1. Баженова, И. А. Основы молекулярной биологии. Теория и практика : учебное пособие / И. А. Баженова, Т. А. Кузнецова. — Санкт-Петербург : Лань, 2018. — 140 с. — ISBN 978-5-8114-2698-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/99204>
2. Уилсон, К. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии : учебное пособие / К. Уилсон, Д. Уолкер ; под редакцией А. В. Левашова, В. И. Тишкова ; перевод с английского Т. П. Мосоловой, Е. Ю. Бозелек-Решетняк. — 2-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2015. — 855 с. — ISBN 978-5-9963-2877-2. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/66244>
3. Володченкова, Л. А. Биоинформатика : учебное пособие / Л. А. Володченкова. — Омск : ОмГУ, 2018. — 44 с. — ISBN 978-5-7779-2214-4. —

Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/110901>

4. Часовских, Н. Ю. Биоинформатика : учебно-методическое пособие / Н. Ю. Часовских. — Томск : СибГМУ, 2015. — 109 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/105971>

7.2 Дополнительная литература

1. Смиряев А.В., Панкина Л.К. Основы биоинформатики: Учебное пособие. – М.: ФГОУ ВПО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 2008. – 102 с.
2. Толковый словарь терминов по общей и молекулярной биологии, общей и прикладной генетике, селекции, ДНК-технологии и биоинформатике: в 2 т. / В.И. Глазко, Г.В. Глазко. - Москва : Академкнига, 2008. - 530 с
3. Спирин, А. С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка : учебное пособие / А. С. Спирин. — Москва : Лаборатория знаний, 2019. — 594 с. — ISBN 978-5-00101-623-6. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/110208>
4. Молекулярная биология : учебное пособие / О. В. Кригер, С. А. Сухих, О. О. Бабич [и др.]. — Кемерово : КемГУ, 2017. — 93 с. — ISBN 979-5-89289-100-3. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/103922>

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

1. <https://stepik.org> (открытый доступ)
2. <https://www.coursera.org> (открытый доступ)
3. <https://openedu.ru/> (открытый доступ)
4. <https://www.youtube.com/user/postnauka> (открытый доступ)
5. <http://www.plantgen.com/> (открытый доступ)
6. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (открытый доступ)
7. <http://molbiol.ru> (открытый доступ)
8. <http://biomolecula.ru/> (открытый доступ)
9. <http://elementy.ru/> (открытый доступ)
10. <http://xumuk.ru/> (открытый доступ)
11. <http://fizrast.ru> (открытый доступ)
12. https://www.youtube.com/channel/UCERPMCywJ6FPZpQ_aPEZt5JA (открытый доступ)
13. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (открытый доступ)
14. <https://www.embl.org/> - European Molecular Biology laboratory (открытый доступ)
15. <https://www.uniprot.org/> - UniProt (открытый доступ)
16. <http://www.insdc.org/> - International (открытый доступ)

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

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
1	2
Учебный корпус № 3, аудитория № 109 Учебная аудитория для проведения: - занятий лекционного типа, - практических занятий, - занятий семинарского типа, - лабораторных занятий, - групповых и индивидуальных консультаций, - текущего контроля и промежуточной аттестации, - самостоятельной работы, - научно-исследовательской работы студентов.	16. Парты двухместные – 15 шт.; 17. Стулья – 30 шт.; 18. Доска передвижная поворотная, инв. 557950/1 – 1 шт.; 19. Мультимедийный проектор – 1 шт.; 20. Экран для проектора – 1 шт.; 21. Доска меловая – 1 шт.;
Центральная научная библиотека имени Н.И. Железнова, читальные залы библиотеки	1. Парты двухместные – 10 шт.; 2. Стулья – 20 шт.
Общежитие № 1 Комната для самоподготовки	1. Парты двухместные – 10 шт.; 2. Стулья – 20 шт.

Для проведения лекций по дисциплине «Молекулярная биология с основами биоинформатики» необходима специализированная лекционная аудитория, оснащенная мультимедийным оборудованием и соответствующим демонстрационным сопровождением.

Для проведения практических и семинарских занятий по дисциплине «Молекулярная биология с основами биоинформатики» необходима аудитория, оснащенная мультимедийным оборудованием и меловой доской.

10. Методические рекомендации студентам по освоению дисциплины

Самостоятельная работа студентов над курсом «Молекулярная биология с основами биоинформатики» заключается в систематической работе с учебными пособиями и конспектом лекций, подготовке к практическим занятиям и семинарам. При выполнении тестовых задач необходимо проработать все предлагаемые тесты. Все сложные вопросы по теории и практике разбираются на семинарских занятиях.

Виды и формы отработки пропущенных занятий

Студент, пропустивший занятия обязан в отведенное для консультаций время на кафедре показать знания соответствующего раздела в виде написания реферата и решения тестовых заданий. Сложные вопросы необходимо разбирать с преподавателем.

11. Методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине

В процессе слушания лекций необходимо создавать резерв времени. Студенту необходимо ежедневно читать учебную или научную литературу по изучаемой дисциплине, что достигается четкой постановкой вопросов для самостоятельного изучения. Необходимо регулярно проводить консультации, обсуждать вопросы, вынесенные на самостоятельное обучение, проверять степень усвоения материала студентами путем опросов или тестовых заданий по материалам лекций. Тестовые задания могут выполняться в электронном виде.

Программу разработали:

Поливанова О. Б., старший преподаватель, канд. биол. наук., доцент

РЕЦЕНЗИЯ

на рабочую программу дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» ОПОП ВО по направлению 35.04.04 – «Агрономия», направленность - «Генетика, селекция и семеноводство» (квалификация (степень) выпускника – магистр)

Таракановым Иваном Германовичем, заведующим кафедрой физиологии растений ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», доктором биологических наук, профессором (далее по тексту рецензент), проведена рецензия рабочей программы дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» ОПОП ВО по направлению 35.04.04 – «Агрономия», направленность – «Генетика, селекция и семеноводство» (магистратура), разработанной в ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», на кафедре биотехнологии (разработчики – Поливанова Оксана Борисовна, старший преподаватель кафедры биотехнологии).

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

1. Предъявленная рабочая программа дисциплины «Молекулярная биология» (далее по тексту Программа) соответствует требованиям ФГОС по направлению 35.04.04 – «Агрономия», 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 вариативной части учебного цикла – Б1.В.

3. Представленные в Программе **цели** дисциплины соответствуют требованиям ФГОС направления 35.04.04 – «Агрономия».

4. В соответствии с Программой за дисциплиной «Молекулярная биология с основами биоинформатики» закреплены 9 **компетенций**. Дисциплина «Молекулярная биология с основами биоинформатики» и представленная Программа способна реализовать их в объявленных требованиях.

5. **Результаты обучения**, представленные в Программе в категориях знать, уметь, владеть соответствуют специфике и содержанию дисциплины и демонстрируют возможность получения заявленных результатов.

6. Общая трудоёмкость дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» составляет 4 зачётных единицы (144 часа), что соответствует рекомендациям примерной программы по биотехнологии, рекомендуемой для всех направлений подготовки и специальностей.

7. Информация о взаимосвязи изучаемых дисциплин и вопросам исключения дублирования в содержании дисциплин соответствует действительности. Дисциплина «Молекулярная биология с основами биоинформатики» взаимосвязана с другими дисциплинами ОПОП ВО и Учебного плана по направлению 35.04.04 – «Агрономия» и возможность дублирования в содержании отсутствует. Поскольку дисциплина не предусматривает наличие специальных требований к входным знаниям, умениям и компетенциям студента, хотя может являться предшествующей для специальных, в том числе профессиональных дисциплин, использующих знания в области биотехнологии, биохимии и физиологии растений в профессиональной деятельности магистра по данному направлению подготовки.

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

9. Программа дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» предполагает 30,86 % (10 часов) занятий в интерактивной форме.

10. Виды, содержание и трудоёмкость самостоятельной работы студентов, представленные в Программе, соответствуют требованиям к подготовке выпускников, содержащимся во ФГОС ВО направления 35.04.04 – «Агрономия».

11. Представленные и описанные в Программе формы *текущей* оценки знаний (опрос, как в форме обсуждения отдельных вопросов, так и выступления и участие в дискуссиях, диспутах, круглых столах, мозговых штурмах и ролевых играх, участие в тестировании, коллоквиумах, работа над домашним заданием в форме игрового проектирования (в профессиональной области) и аудиторных заданиях - работа с научными текстами), соответствуют специфике дисциплины и требованиям к выпускникам.

12. Форма промежуточного контроля знаний студентов, предусмотренная Программой, осуществляется в форме экзамена, что соответствует статусу дисциплины, как дисциплины вариативной части учебного цикла – Б1.В ФГОС направления **35.04.04** – «Агрономия».

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

14. Учебно-методическое обеспечение дисциплины представлено: основной литературой – 3 источника, дополнительной литературой – 7 наименований, Интернет-ресурсами – 12 источников и соответствует требованиям ФГОС направления **35.04.04** – «Агрономия».


15. Материально-техническое обеспечение дисциплины соответствует специфике дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» и обеспечивает использование современных образовательных, в том числе интерактивных методов обучения.

16. Методические рекомендации студентам и методические рекомендации преподавателям по организации обучения по дисциплине дают представление о специфике обучения по дисциплине «Молекулярная биология с основами биоинформатики».

ОБЩИЕ ВЫВОДЫ

На основании проведенной рецензии можно сделать заключение, что характер, структура и содержание рабочей программы дисциплины «Молекулярная биология с основами биоинформатики» ОПОП ВО по направлению «Агрономия» направленность - «Генетика, селекция и семеноводство» (квалификация (степень) выпускника – магистр), разработанная старшим преподавателем кафедры биотехнологии Поливановой О. Б. соответствует требованиям ФГОС ВО, современным требованиям экономики, рынка труда и позволит при её реализации успешно обеспечить формирование заявленных компетенций.

Рецензент: Тараканов И.Г., заведующий кафедрой физиологии растений ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», доктор биологических наук, доцент


(подпись)

« 13 » 09 2019 г.