

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации  
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение  
высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский  
государственный университет» (Новосибирский государственный университет, НГУ)

ФАКУЛЬТЕТ ЕСТЕСТВЕННЫХ НАУК

---

Согласовано

Декан ФЕН

Резников В.А.

\_\_\_\_\_ *подпись*

«\_\_\_» \_\_\_\_\_ 20\_\_ г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

**НОВЕЙШИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ТЕХНОЛОГИИ**

направление подготовки: 06.04.01 Биология

направленность (профиль): Информационная биология

Форма обучения: очная

Разработчики:

д.б.н., доцент Меркулова Т.И.

\_\_\_\_\_

Зав.каф. информационной биологии

Академик РАН, Колчанов Н.А.

\_\_\_\_\_

Руководитель программы:

д.б.н., профессор Л.В. Шестопалова

\_\_\_\_\_

Новосибирск, 2020

## Содержание

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы.....	3
2. Место дисциплины в структуре образовательной программы .....	4
3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося .....	5
4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий.....	5
5. Перечень учебной литературы .....	6
6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся..	7
7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины .....	7
8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине .....	7
9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине .....	7
10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.....	8
Приложение 1 Аннотация по дисциплине	
Приложение 2 Оценочные средства по дисциплине	

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

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
ОПК-3 Готовность использовать фундаментальные биологические представления в сфере профессиональной деятельности для постановки и решения новых задач	- современные молекулярно-генетические методы, области их применения, преимущества и ограничения		- навыками самостоятельного анализа имеющейся информации
ОПК-4 Способность применять знание истории и методологии биологических наук для решения фундаментальных профессиональных задач	- принципы изучения генома, транскриптома и протеома и основные достижения в этой области; - принципы работы используемого оборудования и лабораторных приборов, их возможности и ограничения	- ставить задачу научного исследования, решать ее с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работы и достоверность результатов эксперимента	
ОПК-6 Способность использовать знание основ учения о биосфере, понимание современных биосферных процессов для системной оценки геополитических явлений и прогноза последствий реализации социально значимых проектов		- анализировать и интерпретировать существующие литературные данные с учетом ограничений и особенностей использованных методов и подходов	
ПК-7 Готовность осуществлять	- роль современных биоинформатич	- ориентироваться в полногеномных базах данных по	навыками самостоятельного осуществления

Результаты освоения образовательной программы (компетенции)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
	знать	уметь	владеть
проектирование и контроль биотехнологических процессов	еских методов в первичной обработке полногеномных данных и их биологической интерпретации	нуклеотидным последовательностям и их полиморфизмам, а также полногеномных базах данных по результатам изучения транскриптомов, модификаций ДНК и хроматина, распределению участков связывания регуляторных белков, регуляторных контактов отдаленных областей генома	проектирования биотехнологических процессов и поиска методов решения практических задач, применения различных методов познания

## 2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплины (практики), изучение которых необходимо для освоения дисциплины

### **Новейшие молекулярно-генетические технологии:**

- Введение в информационную биологию
- Молекулярная биология (структура генома, молекулярные механизмы реализации генетической информации);
- Практикум по биохимии
- Современные проблемы биоинформатики и системной биологии
- Генная инженерия

Дисциплины (практики), для изучения которых необходимо для освоения дисциплины

### **Новейшие молекулярно-генетические технологии:**

- Организация и функционирование молекулярно-генетических систем III: методы анализа генетических текстов
- Практика по начальной специализации "Системная биология и биоинформатика"
- Компьютерная транскриптомика
- Анализ биологических изображений
- Современные проблемы биологии: биоинформатика структур макромолекул
- при подготовке дипломной работы.

**3. Трудоемкость дисциплины в зачетных единицах с указанием количества академических часов, выделенных на контактную работу обучающегося с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающегося**

Трудоемкость дисциплины – 2 з.е. (72 ч)

Форма промежуточной аттестации: 1 семестр – зачет

№	Вид деятельности	Семестр
		7
1	Лекции, ч	24
2	Практические занятия, ч	
3	Лабораторные занятия, ч	
4	Занятия в контактной форме, ч из них	26
5	из них аудиторных занятий, ч	24
6	в электронной форме, ч	
7	консультаций, час.	
8	промежуточная аттестация, ч	2
9	Самостоятельная работа, час.	46
10	Всего, ч	72

**4. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий**

*1 семестр*

Лекции (24 ч)

Наименование темы и их содержание	Объем, час
<b>Раздел 1 Методы секвенирования ДНК</b>	
1. Методы секвенирования ДНК. История вопроса. Массовое параллельное секвенирование.	1
2. Полностью секвенированные геномы. Основные выводы сравнительной геномики	1
<b>Раздел 2. Базы данных</b>	
1. Базы данных нуклеотидных последовательностей и белков. Базы данных мутаций, SNPs, наследственных заболеваний человека	2
<b>Раздел 3. Регуляторные SNPs</b>	
1.Регуляторные SNPs: Классификация, функциональная значимость, методы поиска	2
<b>Раздел 4. Методы изучения транскрипции генов</b>	
1. Методы изучения транскрипции генов: Нозерн-блот анализ, РТ-ПЦР, Real-time-PCR	2
<b>Раздел 5. Исследование профилей экспрессии генов</b>	
1. Исследование профилей экспрессии генов с помощью массового параллельного секвенирования, биоинформатическая обработка	2
<b>Раздел 6. Элементы кор-промотора.</b>	
1. Элементы кор-промотора. Методы выявления промоторов и стартов транскрипции. Базы данных EPD и DBTSS	1

2. Выявление отдаленных регуляторных районов. Их классификация и организация	1
Раздел 7. Сайты связывания факторов транскрипции	
1. Сайты связывания факторов транскрипции. Базы данных TRRD, TRANSFAC	2
Раздел 8. Методы идентификации регуляторных элементов	
1. Методы идентификации регуляторных элементов, композиционные элементы. Технология Selex, ее преимущества и недостатки	1
2. Методы массового анализа регуляторных районов. Технологии ChIP-on Chip и ChIP-seq	1
Раздел 9. Методы изучения отдаленных контактов	
1. Методы изучения отдаленных контактов. Технология Chia-pet	2
Раздел 10. Методы изучения динамики регуляторных взаимодействий	
1. Методы изучения динамики регуляторных взаимодействий	2
Раздел 11. Протеомика.	
1. Протеомика. Двумерный электрофорез, масс-спектрометрический анализ.	2
Раздел 12. Современные методы микроскопического анализа	
1. Современные методы микроскопического анализа	2
	24

#### Самостоятельная работа студентов (72 ч)

Перечень занятий на СРС	Объем, час
Повторение материала, освещаемого на лекциях.	28
Изучение теоретического материала, не освещаемого на лекциях	6
Подготовка к экзамену (зачету/дифференцированному зачету/)	12
	46

### 5. Перечень учебной литературы

#### 5.1 Основная литература

1. Льюин Б. Гены. Бином. 2011. -896с.
2. Чемерис А.В., Ахунов Э.Д., Вахитов В.А. Секвенирование ДНК. М.: Наука, 1999.- 429с.
3. Carey M., Smale S.T. Transcriptional regulation in eukariotes. N-Y. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2000.-640p.
4. Транскрипция и трансляция. Методы. Ред. Б.Хеймса и С.Хиггинса. М. Мир.1987.–400с.

#### 5.2 Дополнительная литература

5. Меркулова Т.И, Ощепков Д.Ю., Игнатьева Е.В., Ананько Е.А., Левицкий В.Г., Васильев Г.В., Климова Н.В., Меркулов В.М., Колчанов Н.А. «Экспериментальные и компьютерные подходы к изучению регуляторных элементов в эукариотических генах»// Биохимия. 2007. Т.72. С. 1459-1467.
6. Kolchanov N.A., Ignatieva E.V., Ananko E.A., Podkolodnaya O.A., Stepanenko I.L., Merkulova T.I., Pozdnyakov M.A., Podkolodny N.L., Naumochkin A.N., Romashchenko A.G. Transcription Regulatory Regions Database (TRRD): its status in 2002. // Nucleic Acids Res. 2002 V. 30 P. 312-317.
7. Меркулова Т.И., Ананько Е.А., Игнатьева Е.В., Колчанов Н.А. Регуляторные коды транскрипции геномов эукариот // Генетика. 2013. Т.49. № 1. С.37-54.

## **6. Перечень учебно-методических материалов по самостоятельной работе обучающихся**

8. Презентации лекций на сайте КИБ [http://kib.nsu.ru/?page\\_id=561#Video](http://kib.nsu.ru/?page_id=561#Video)

## **7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины**

Освоение дисциплины используются следующие ресурсы:

- электронная информационно-образовательная среда НГУ (ЭИОС);
- образовательные интернет-порталы;
- информационно-телекоммуникационная сеть Интернет.

Взаимодействие обучающегося с преподавателем (синхронное и (или) асинхронное) осуществляется через личный кабинет студента в ЭИОС, электронную почту.

### **7.1 Современные профессиональные базы данных:**

Не используются

### **7.2. Информационные справочные системы**

Не используются

## **8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине**

### **8.1 Перечень программного обеспечения**

Windows и Microsoft Office

### **8.2 Информационные справочные системы**

Не используются

## **9. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине**

Для реализации дисциплины **Новейшие молекулярно-генетические технологии** используются специальные помещения:

1. Учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, промежуточной и итоговой аттестации;

2. Помещения для самостоятельной работы обучающихся;

Учебные аудитории укомплектованы специализированной мебелью и техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду НГУ.

Для проведения занятий лекционного типа предлагаются следующие наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий:

- комплект лекций-презентаций по темам дисциплины;

Материально-техническое обеспечение образовательного процесса по дисциплине для обучающихся из числа лиц с ограниченными возможностями здоровья осуществляется согласно «Порядку организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья в Новосибирском государственном университете».

## 10. Оценочные средства для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

Перечень результатов обучения по **Новейшие молекулярно-генетические технологии** и индикаторов их достижения представлен в виде знаний, умений и владений в разделе 1.

### 10.1 Порядок проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

#### **Текущий контроль успеваемости:**

Формой текущего контроля при прохождении дисциплины «Новейшие молекулярно-генетические технологии» является контроль посещаемости лекционных занятий, ответы на вопросы по пройденному материалу.

При прохождении курса «Новейшие молекулярно-генетические технологии» студенты работают по системе ИКИ (индивидуальный кумулятивный индекс). Эта система предусматривает прохождение контрольных точек (посещение лекций, контрольной работы), набранные баллы суммируются, и составлена таким образом, что текущий контроль охватывает все разделы курса.

#### **Промежуточная аттестация:**

Промежуточная аттестация по дисциплине **Новейшие молекулярно-генетические технологии** проводится в форме устного зачета.

Для того чтобы быть допущенным к зачету, студент должен выполнить следующее:

- в ходе прохождения дисциплины посетить не менее 50 % занятий;
- ответить на вопросы по пройденному материалу (в начале каждого лекционного занятия).

#### **Описание критериев и шкал оценивания индикаторов достижения результатов обучения по дисциплине Новейшие молекулярно-генетические технологии**

Таблица 10.1

Код компетенции	Результат обучения по дисциплине	Оценочное средство
ОПК-3	Знание современных молекулярно-генетических методов, области их применения, преимуществ и ограничений.	Зачет
	Владение навыками самостоятельного анализа имеющейся информации	Выступление, зачет
ОПК-4	Знание принципов изучения генома, транскриптома и протеома и основных достижений в этой области	Зачет
	Знание принципов работы используемого оборудования и лабораторных приборов, их возможности и ограничения	Зачет
	Умение ставить задачу научного исследования, решать ее с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работы и достоверность результатов эксперимента	Зачет

ОПК-6	Умение анализировать и интерпретировать существующие литературные данные с учетом ограничений и особенностей использованных методов и подходов	Зачет
ПК-7	Знание роли современных биоинформатических методов в первичной обработке полногеномных данных и в их биологической интерпретации	Зачет
	Умение ориентироваться в полногеномных базах данных по нуклеотидным последовательностям и их полиморфизмам, а также полногеномных базах данных по результатам изучения транскриптомов, модификаций ДНК и хроматина, распределению участков связывания регуляторных белков, регуляторных контактов отдаленных областей генома	Зачет
	Владение навыками проектирования биотехнологических процессов и поиска методов решения практических задач, применения различных методов познания	Выступления, зачет

Таблица 10.2

Критерии оценивания результатов обучения	Шкала оценивания
<p><b><u>Выступления:</u></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники,</li> <li>– неполнота реализации выбора методов анализа и их интерпретации,</li> <li>– полнота понимания и изложения причинно-следственных связей,</li> <li>– осмысленность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в формулировке собственных суждений,</li> <li>– точность и корректность применения терминов и понятий, при наличии незначительных ошибок,</li> </ul> <p><b><u>Зачет:</u></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– обоснованность теоретическим и фактическим материалом, подкрепленным ссылками на научную литературу и источники,</li> <li>– полнота понимания и изложения причинно-следственных связей,</li> <li>– самостоятельность, осмысленность, структурированность, логичность и аргументированность изложения материала, наличие затруднений в объяснении отдельных положений, а также при формулировке собственных суждений,</li> <li>– точность и корректность применения терминов и понятий при наличии незначительных ошибок,</li> <li>– наличие ответов на дополнительные вопросы с возможным присутствием ошибок.</li> </ul>	<p><i>Удовлетворительно</i></p> <p style="text-align: center;">0</p>

<p><b><u>Выступления:</u></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– отсутствие теоретического и фактического материала, подкрепленного ссылками на научную литературу и источники,</li> <li>– отсутствие анализа примененных методов и их интерпретации,</li> <li>– непонимание причинно-следственных связей,</li> <li>– компилятивное, неосмысленное, нелогичное и неаргументированное изложение материала,</li> <li>– грубые ошибки в применении терминов и понятий,</li> <li>– фрагментарность раскрытия</li> <li>– неподготовленность выступлений на основе предварительного изучения литературы по темам, неучастие в коллективных обсуждениях в ходе занятия.</li> </ul> <p><b><u>Зачет:</u></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>– фрагментарное и недостаточное представление теоретического и фактического материала, не подкрепленное ссылками на научную литературу и источники,</li> <li>– непонимание причинно-следственных связей,</li> <li>– отсутствие осмысленности, структурированности, логичности и аргументированности в изложении материала,</li> <li>– грубые ошибки в применении терминов и понятий,</li> <li>– отсутствие ответов на дополнительные вопросы.</li> </ul>	<p><i>Неудовле- тво- рительно</i></p>
---	---

**Типовые контрольные задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения**

**Примеры вопросов для текущего контроля:**

- 1) Каковы цели секвенирования геномов позвоночных?
- 2) Каковы цели секвенирования геномов прокариот?
- 3) Что дает секвенирование полного генома человека для биологии и медицины?
- 4) Для чего нужны автоматические секвенаторы?
- 5) Для чего необходимо изучение полиморфизма нуклеотидных последовательностей?
- 6) Что такое регуляторные SNP и каковы методы их выявления и анализа?
- 7) Какими методами изучается экспрессия индивидуальных генов?
- 8) Каковы преимущества изучения транскрипции генов методом Real-Time PCR?
- 9) Какие существуют методы массового изучения транскрипции генов?
- 10) Какие существуют методы идентификации стартов транскрипции генов?
- 11) Для чего нужны методы массового выявления сайтов связывания транскрипционных факторов?
- 12) Какие экспериментальные подходы используются для поиска и идентификации сайтов связывания транскрипционных факторов?
- 13) Какие экспериментальные подходы используются для поиска регуляторных районов генов?
- 14) Что дает метод иммунопреципитации хроматина?
- 15) Какие экспериментальные подходы используются для исследования протеома эукариотических клеток?
- 16) Содержание проекта ENCODE и его общебиологическое значение

**Перечень теоретических вопросов к зачету по курсу «Новейшие молекулярно-генетические технологии»**

1. История развития методов исследования ДНК.
2. Базы данных нуклеотидных последовательностей, белков, мутаций, SNPs, наследственных заболеваний человека.
3. Регуляторные SNPs: Классификация, функциональная значимость, методы поиска.
4. Методы изучения транскрипции генов.
5. Исследование профилей экспрессии генов с помощью массового параллельного секвенирования, биоинформатическая обработка.
6. Методы выявления промоторов и стартов транскрипции.
7. Отдаленные регуляторные районы. Их классификация и организация.
8. Сайты связывания факторов транскрипции.
9. Методы массового анализа регуляторных районов.
10. Методы изучения отдаленных контактов.
11. Методы изучения структуры белков.
12. Современные методы микроскопического анализа
13. Каковы цели секвенирования геномов позвоночных?
14. Каковы цели секвенирования геномов прокариот?
15. Что дает секвенирование полного генома человека для биологии и медицины?
16. Для чего нужны автоматические секвенаторы?
17. Для чего необходимо изучение полиморфизма нуклеотидных последовательностей?
18. Что такое регуляторные SNP и каковы методы их выявления и анализа?
19. Какими методами изучается экспрессия индивидуальных генов?

20. Каковы преимущества изучения транскрипции генов методом Real-Time PCR?
21. Какие существуют методы массового изучения транскрипции генов?
22. Какие существуют методы идентификации стартов транскрипции генов?
23. Для чего нужны методы массового выявления сайтов связывания транскрипционных факторов?
24. Какие экспериментальные подходы используются для поиска и идентификации сайтов связывания транскрипционных факторов?
25. Какие экспериментальные подходы используются для поиска регуляторных районов генов?
26. Что дает метод иммунопреципитации хроматина?
27. Какие экспериментальные подходы используются для исследования протеома эукариотических клеток?
28. Содержание проекта ENCODE и его общебиологическое значение

Оценочные материалы по промежуточной аттестации (приложение 2), предназначенные для проверки соответствия уровня подготовки по дисциплине требованиям ФГОС, хранятся на кафедре-разработчике РПД в печатном и электронном виде.

**Лист актуализации рабочей программы дисциплины  
«Новейшие молекулярно-генетические технологии»**

№	Характеристика внесенных изменений (с указанием пунктов документа)	Дата и № протокола Ученого совета ФЕН	Подпись ответственного