

**МИНОБРНАУКИ РОССИИ**  
**ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ**  
**ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ**  
**«ВОРОНЕЖСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ИНЖЕНЕРНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ»**

**УТВЕРЖДАЮ**  
И.о. проректора по учебной работе

\_\_\_\_\_ Василенко В.Н.  
(подпись) (Ф.И.О.)

«30» мая 2024 г.

## **РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**

**Редактирование геномов: актуальные задачи и технологии**

Направление подготовки

**06.03.01 Биология**

Направленность (профиль)

Пищевая микробиология

Квалификация выпускника

**бакалавр**

---

Воронеж

## 1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины "Редактирование геномов: актуальные задачи и технологии" является формирование компетенций обучающегося в области профессиональной деятельности и сфере профессиональной деятельности: 22 Пищевая промышленность, включая производство напитков и табака (в сфере технологий комплексной переработки мясного и молочного сырья); 40 Сквозные виды профессиональной деятельности.

Дисциплина направлена на решение задач профессиональной деятельности следующего типа: *научно-исследовательский*.

Программа составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.03.01 Биология.

## 2. Перечень планируемых результатов обучения, соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ПКв-6	Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий	ИД1 <sub>ПКв-6</sub> - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.
			ИД2 <sub>ПКв-6</sub> - Применяет основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий
			ИД3 <sub>ПКв-6</sub> - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании
			ИД4 <sub>ПКв-6</sub> - Формулирует задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
			ИД5 <sub>ПКв-6</sub> - Оценивает воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 <sub>ПКв-6</sub> - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.	Знает: фундаментальные разделы математики и биоинформатики
	Умеет: применять знания математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.
	Владеет: методами математического моделирования в области генетики, геномики и генетических технологий.
ИД2 <sub>ПКв-6</sub> - Применяет основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий	Знает: основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований; задачи научного исследования в области биоинженерии и биоинформатики
	Умеет: формулировать задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий и применять основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий
	Владеет: методами оценки воздействия генетических технологий

	на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды
ИД3 <sub>ПКв-6</sub> - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Знает: современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании
	Умеет: использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в области генетики
	Владеет: методами геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании
ИД4 <sub>ПКв-6</sub> - Формулирует задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.	Знает: задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий
	Умеет: проводить исследования в области генетики и генетических технологий
	Владеет: владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
ИД5 <sub>ПКв-6</sub> - Оценивает воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды	Знает: влияние генетических технологий на окружающую среду и человека
	Умеет: оценивать воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека
	Владеет: методами прогнозирования последствий применения генетических технологий и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды

### 3. Место дисциплины (модуля) в структуре ОП ВО

Дисциплина относится к *части, формируемой участниками образовательных отношений* «Дисциплины/модули» Блока 1 ОП. Дисциплина является обязательной к изучению.

Изучение дисциплины основано на знаниях, умениях и навыках, полученных при изучении обучающимися дисциплин: «Современные проблемы нутрициологии», «Биологическая индикация», «Генетика», «Введение в биотехнологию и биоинженерию», «Молекулярная биология».

Дисциплина является предшествующей для изучения дисциплин, «Биоинженерия в современных пищевых технологиях», «Генная инженерия», «Основы микробиологического синтеза», «Спецпрактикум по пищевой микробиологии», «Биологическая безопасность сырья и продуктов животного и растительного происхождения» практической подготовки и подготовки выпускной квалификационной работы.

### 4. Объем дисциплины (модуля) и виды учебной работы

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 2 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		6 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
<b>Контактная работа</b> в т. ч. аудиторные занятия:	37	37
Лекции	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	18	18
Консультации текущие	0,9	0,9
<b>Вид аттестации (зачет)</b>	0,1	0,1
<b>Самостоятельная работа:</b>	35	35

Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	25,0	25,0
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	10,0	10,0

## 5 Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий

### 5.1 Содержание разделов дисциплины (модуля)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела (указываются темы и дидактические единицы)	Трудоемкость раздела, ак.ч
1	Актуальные задачи генной инженерии	Задачи генной инженерии. Современные методы редактирования генома. Базы данных. Технологии геномного редактирования для решения актуальных задач биологии и биомедицины. Фундаментальные основы процессов редактирования генома. Научный, исторический и этический контекст редактирования генома человека. Введение в базы данных.	35
2	Технологии геномного редактирования	Генетические технологии, в том числе геномное редактирование. Культивирование микроорганизмов. Нуклеазы «цинковые пальцы»: технология, положившая начало редактированию генома. Принцип технологии редактирования генома CRISPR Cas и методы оценки эффективности ее работы. Прайммированное редактирование.	36
		<i>Консультации текущие</i>	0,9
		<i>Вид аттестации (зачет)</i>	0,1

### 5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, ак.ч	ЛР, ак.ч	СРО, ак.ч
1	Актуальные задачи генной инженерии	10	8	17
2	Технологии геномного редактирования	8	10	18
		<i>Консультации текущие</i>		0,9
		<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,1

#### 5.2.1 Лекции

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика лекционных занятий	Трудоемкость, ак.ч
1	Актуальные задачи генной инженерии	Задачи генной инженерии. Современные методы редактирования генома. Базы данных. Технологии геномного редактирования для решения актуальных задач биологии и биомедицины. Фундаментальные основы процессов редактирования генома. Научный, исторический и этический контекст редактирования генома человека. Введение в базы данных.	10
2	Технологии геномного редактирования	Генетические технологии, в том числе геномное редактирование. Культивирование микроорганизмов. Нуклеазы «цинковые пальцы»: технология, положившая начало редактированию генома. Принцип технологии редактирования генома CRISPR Cas и методы оценки эффективности ее работы. Прайммированное редактирование.	8

#### 5.2.2 Практические занятия (семинары) не предусмотрены

#### 5.2.3 Лабораторный практикум

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Наименование лабораторных работ	Трудоемкость, ак.ч
-------	---------------------------------	---------------------------------	--------------------

1	Актуальные задачи генной инженерии	Лабораторная работа №1 - Работа с нуклеиновыми кислотами. Качественный и количественный анализ Лабораторная работа №2 - Практическое применение биоинформатических инструментов по подбору праймеров	8
2	Технологии генного редактирования	Лабораторная работа №3 - Рестрикционный анализ ДНК Лабораторная работа №4 - Обзор различных методов ПЦР, длинноцепочечная ПЦР, ПЦР в реальном времени	10

#### 5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудо-емкость, час
1	Актуальные задачи генной инженерии	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	12
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	5
2	Технологии генного редактирования	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	13
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	5

### 6 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Для освоения дисциплины обучающийся может использовать:

#### 6.1 Основная литература

Генетика : учебник для вузов / Н. М. Макрушин, Ю. В. Плугатарь, Е. М. Макрушина [и др.] ; под редакцией д. с.-х. н. [и др.]. — 3-е изд., перераб. и доп. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 432 с. <https://e.lanbook.com/book/177828>

Якупов, Т. Р. Молекулярная биотехнология. Биоинженерия : учебное пособие — Казань : КГАВМ им. Баумана, 2018. — 157 с. <https://e.lanbook.com/book/122951>

Куцев, М. Г. Биоинженерия растений. Основные методы : учебное пособие. — Красноярск : СФУ, 2020. — 80 с. <https://e.lanbook.com/book/181629>

Практикум по молекулярной генетике и биоинженерии : учебно-методическое пособие / составители М. Ю. Сыромятников [и др.]. — Воронеж : ВГУ, 2016. — 55 с. <https://e.lanbook.com/book/16537>

Мишанин, Ю. Ф. Биотехнология рациональной переработки животного сырья : учебное пособие для вузов. — 3-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 720 с. <https://e.lanbook.com/book/175152>

#### 6.2 Дополнительная литература

Якупов, Т. Р. Молекулярная биотехнология : учебник для вузов. — 3-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2021. — 160 с. <https://e.lanbook.com/book/179623>

Субботина, Т. Н. Молекулярная биология и геновая инженерия : учебное пособие. — Красноярск : СФУ, 2018. — 60 с. <https://e.lanbook.com/book/157528>

Карманова, Е. П. Практикум по генетике : учебное пособие для вузов. — 3-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 228 с. <https://e.lanbook.com/book/200846>

Абылкасымов, Д. Ветеринарная генетика : учебное пособие. — Тверь : Тверская ГСХА, 2020. — 92 с. <https://e.lanbook.com/book/151290>

#### 6.3 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся

Кострова, Ю. С. Задачи линейной алгебры биоинженерной направленности : учебное пособие. — Рязань : РГРТУ, 2018. — 68 с. <https://e.lanbook.com/book/168247>

Кострова, Ю. С. Дифференциальное и интегральное исчисление в задачах биоинженерной направленности : учебное пособие. — Рязань : РГРТУ, 2019. — 72 с. : <https://e.lanbook.com/book/168256>

Бурова, Т. Е. Безопасность продовольственного сырья и продуктов питания : учебник. — Санкт-Петербург : Лань, 2020. — 364 с. <https://e.lanbook.com/book/130155>

#### **6.4 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины (модуля)**

Наименование ресурса сети «Интернет»	Электронный адрес ресурса
Научная электронная библиотека	<a href="http://www.elibrary.ru/defaulttx.asp?">http://www.elibrary.ru/defaulttx.asp?</a>
Образовательная платформа «Юрайт»	<a href="https://urait.ru/">https://urait.ru/</a>
ЭБС «Лань»	<a href="https://e.lanbook.com/">https://e.lanbook.com/</a>
АИБС «МегаПро»	<a href="https://biblos.vsu.ru/MegaPro/Web">https://biblos.vsu.ru/MegaPro/Web</a>
Сайт Министерства науки и высшего образования РФ	<a href="http://minobrnauki.gov.ru">http://minobrnauki.gov.ru</a>
Электронная информационно-образовательная среда ФГБОУ ВО «ВГУИТ»	<a href="http://education.vsu.ru">http://education.vsu.ru</a>

#### **6.5 Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень программного обеспечения, современных профессиональных баз данных и информационных справочных систем**

При изучении дисциплины используется программное обеспечение, современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы: ЭИОС университета, в том числе на базе программной платформы «Среда электронного обучения ЗКЛ», автоматизированная информационная база «Интернет-тренажеры», «Интернет-экзамен» и пр. (указать средства, необходимы для реализации дисциплины).

При освоении дисциплины используется лицензионное и открытое программное обеспечение:

Программы	Лицензии, реквизиты подтверждающего документа
Adobe Reader XI	(бесплатное ПО) <a href="https://acrobat.adobe.com/ru/ru/acrobat/pdf-reader/volume-distribution.html">https://acrobat.adobe.com/ru/ru/acrobat/pdf-reader/volume-distribution.html</a>
Альт Образование	Лицензия № AAA.0217.00 с 21.12.2017 г. по «Бессрочно»
Microsoft Windows 8	Microsoft Open License
Microsoft Windows 8.1	Microsoft Windows Professional 8 Russian Upgrade Academic OPEN 1 License No Level#61280574 от 06.12.2012 г. <a href="https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license">https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license</a>
Microsoft Office Professional Plus 2010	Microsoft Open License Microsoft Office Professional Plus 2010 Russian Academic OPEN 1 License No Level #48516271 от 17.05.2011 г. <a href="https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license">https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license</a>
	Microsoft Open License Microsoft Office Professional Plus 2010 Russian Academic OPEN 1 License No Level #61181017 от 20.11.2012 г. <a href="https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license">https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license</a>

Microsoft Office 2007 Standart	Microsoft Open License Microsoft Office 2007 Russian Academic OPEN No Level #44822753 от 17.11.2008 <a href="https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license">https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license</a>
Libre Office 6.1	Лицензия № AAA.0217.00 с 21.12.2017 г. по «Бессрочно» (Включен в установочный пакет операционной системы Альт Образование 8.2)

#### **Справочно-правовые системы**

<b>Программы</b>	<b>Лицензии, реквизиты подтверждающего документа</b>
Справочные правовая система «Консультант Плюс»	Договор о сотрудничестве с «Информсвязь-черноземье», Региональный информационный центр общероссийской сети распространения правовой информации Консультант Плюс № 8-99/RD от 12.02.1999 г.

### **7. Материально-техническое обеспечение дисциплины**

<b>Учебная аудитория для проведения учебных занятий №415</b>	для проведения учебных занятий. Ячейка BioRad для блота Mini Trans-Blot с камерой комплект, аквадистиллятор АЭ-10 VIO, баня водяная LT-2 двухместная, вертикальная камера для электрофореза, термостат жидкостной 5 ОК-20/0,05, устройство для намотки ватных пробок, рН-метр рН-150 МИ, насос вакуумный 2VP-2, водяной термостат Дольфин ОБН-8, фотометр планшетный Start Fax 2100, принтер внешний Awareness Technology для ФП анализатора Start Fax 2100, рефрактометр ИРФ 454 Б 2М, центрифуга CR3i, горизонтальные весы, прецизионные весы, микроцентрифуга вортекс «Microspin» FV-2400, центрифуга MiniSpin Eppendorf, термостат твердотельный с таймером ТТ-2- «Термит», источник питания Эльф-4, трансиллюминатор ЕТХ-20С, электрофорезная камера Sub-Cell System горизонтальная, термостат с охлаждением ТСО-1/80, термостат 93 л (инкубатор), шейкер-инкубатор Multitron с платформой, термоциклер для амплификации нуклеиновых кислот 1000, шкаф холодильный DM-105S (ШХ-0.5ДС), термостат воздушный 1/20, автоклав автоматический MLS-3020U, стерилизатор паровой ВК-75, морозильник ММ-180 «Позис», сушилка лиофильная ЛС-500, бокс ультрафиолетовый УФ-1, ферментер автоклавируемый с программно-аппаратным комплексом на базе компьютера с монитором Ф-301, ноутбук, мультимедийный проектор ACER, экран. Комплекты мебели для учебного процесса.
--	--

### **8 Оценочные материалы для промежуточной аттестации обучающихся по дисциплине (модулю)**

**Оценочные материалы (ОМ)** для дисциплины (модуля) включают:

- перечень компетенций с указанием индикаторов достижения компетенций, этапов их формирования в процессе освоения образовательной программы;
- описание шкал оценивания;
- типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков;
- методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности.

ОМ представляются отдельным комплектом и **входят в состав рабочей программы дисциплины (модуля)**.

Оценочные материалы формируются в соответствии с П ВГУИТ «Положение об оценочных материалах».





**ПРИЛОЖЕНИЕ**  
**к рабочей программе**

**1. Организационно-методические данные дисциплины для очно-заочной или заочной форм обучения**

**1.1 Объемы различных форм учебной работы и виды контроля в соответствии с учебным планом**

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 2 зачетных единиц

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		7 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
<b>Контактная работа</b> в т. ч. аудиторные занятия:	12,4	12,4
Лекции	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	6	6
Консультации текущие	0,3	0,3
<b>Вид аттестации (зачет)</b>	0,1	0,1
<b>Самостоятельная работа:</b>	59,6	59,6
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	29,6	29,6
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	20,0	20,0

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ  
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

**РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНОМОВ: АКТУАЛЬНЫЕ ЗАДАЧИ И  
ТЕХНОЛОГИИ**

## 1. Перечень компетенций с указанием этапов их формирования

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ПКв-6	Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий	ИД1 <sub>ПКв-6</sub> - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.
			ИД2 <sub>ПКв-6</sub> - Применяет основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий
			ИД3 <sub>ПКв-6</sub> - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании
			ИД4 <sub>ПКв-6</sub> - Формулирует задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
			ИД5 <sub>ПКв-6</sub> - Оценивает воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 <sub>ПКв-6</sub> - Использует базовые фундаментальные разделы математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.	Знает: фундаментальные разделы математики и биоинформатики
	Умеет: применять знания математики и биоинформатики в объеме, необходимом для обработки информации и анализа данных в соответствии с задачами генетики, геномики и генетических технологий.
	Владеет: методами математического моделирования в области генетики, геномики и генетических технологий.
ИД2 <sub>ПКв-6</sub> - Применяет основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий	Знает: основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований; задачи научного исследования в области биоинженерии и биоинформатики
	Умеет: формулировать задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий и применять основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий
	Владеет: методами оценки воздействия генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды
ИД3 <sub>ПКв-6</sub> - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Знает: современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании
	Умеет: использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в области генетики
	Владеет: методами геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании
ИД4 <sub>ПКв-6</sub> - Формулирует задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами	Знает: задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий
	Умеет: проводить исследования в области генетики и генетических технологий
	Владеет: владеет основными методами сбора, обработки и

сбора, обработки и анализа научной информации.	анализа научной информации.
ИД5 <sub>ПКв-6</sub> - Оценивает воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды	Знает: влияние генетических технологий на окружающую среду и человека
	Умеет: оценивать воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека
	Владеет: методами прогнозирования последствий применения генетических технологий и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды

## 2 Этапы формирования компетенций в процессе освоения дисциплины

№ п/п	Разделы дисциплины	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Оценочные средства		Технология/процедура оценивания (способ контроля)
			наименование	№№ заданий	
1	Актуальные задачи генной инженерии	ПКв-6	<i>Тестовое задание</i>	1-18	Компьютерное тестирование
			<i>Письменный ответ</i>	36-48	Проверка преподавателем
			<i>Собеседование (вопросы для зачета)</i>	61-76	Проверка преподавателем
2	Технологии и генного редактирования	ПКв-6	<i>Тестовое задание</i>	19-35	Компьютерное тестирование
			<i>Письменный ответ</i>	49-60	Проверка преподавателем
			<i>Собеседование (вопросы для зачета)</i>	77-90	Проверка преподавателем

## 3 Оценочные материалы для промежуточной аттестации.

**Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности, характеризующих этапы формирования компетенций в процессе освоения образовательной программы**

Для оценки знаний, умений, навыков студентов по дисциплине применяется балльно-рейтинговая система оценки сформированности компетенции студента.

Балльно-рейтинговая система оценки осуществляется в течение всего семестра при проведении аудиторных занятий и контроля самостоятельной работы. Показателями ОМ являются: текущий опрос в виде собеседования на лабораторных работах и выполнения тестовых заданий. Оценки выставляются в соответствии с графиком контроля текущей успеваемости студентов в автоматизированную систему баз данных (АСУБД) «Рейтинг студентов».

Обучающийся, набравший в семестре более 60 % от максимально возможной балльно-рейтинговой оценки работы в семестре получает зачет автоматически.

Студент, набравший за текущую работу в семестре менее 60 %, т.к. не выполнил всю работу в семестре по объективным причинам (болезнь, официальное освобождение и т.п.) допускается до зачета, однако ему дополнительно задаются вопросы на собеседовании по разделам, выносимым на зачет.

Аттестация обучающегося по дисциплине проводится в форме тестирования и предусматривает возможность последующего собеседования (зачета). Зачет проводится в виде тестового задания или собеседования.

Каждый вариант теста включает 20 контрольных заданий, из них:

- 7 контрольных заданий на проверку знаний;

- 7 контрольных заданий на проверку умений;
- 6 контрольных заданий на проверку навыков.

В случае неудовлетворительной сдачи зачета студенту предоставляется право повторной сдачи в срок, установленный для ликвидации академической задолженности по итогам соответствующей сессии. При повторной сдаче зачета количество набранных студентом баллов на предыдущем зачете не учитывается.

### 3.1 Тесты (тестовые задания)

ПКв-1Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий с применением основных молекулярно-биологических методов

№ задания	Тест (тестовое задание)
1.	Участок ДНК, в котором записана информация о первичной структуре белка: а) <b>ген</b> б) геном в) локус г) хромосома
2.	Совокупность методов, позволяющих путем операций in vitro переносить информацию из одного организма в другой – это: а) хромосомная инженерия б) <b>генная инженерия</b> в) клеточная инженерия г) гетерозис
3.	Введение рекомбинантных плазмид в бактериальные клетки – это: а) лигирование б) скрининг в) <b>трансформация</b> г) рестрикция
4.	Цели генной инженерии: а) преодоление межвидовых барьеров б) передача отдельных наследственных признаков одних организмов другим в) способность нарабатывать «человеческие» белки г) <b>все варианты ответов верны</b>
5.	Плазмида – это: а) и-РНК бактерий б) к-ДНК в) <b>двухцепочечная кольцевая ДНК</b> г) рестриктаза
6.	Первым объектом генной инженерии стала: а) <b>E.coli</b> б) S.cerevisae в) B.subtilis г) Saccharomyces boulardii
7.	Субстратами рестриктаз, используемых генным инженером, являются: а) гомополисахариды б) гетерополисахариды в) <b>нуклеиновые кислоты</b> г) белки
8.	В прокариотических клетках CRISPR выполняют функцию: а) репликации ДНК б) <b>противовирусной защиты</b> в) устойчивости к антибиотикам г) устойчивости к факторам окружающей среды
9.	CRISPR расшифровывается как: а) <b>короткие палиндромные повторы, регулярно расположенные группами</b> б) длинные последовательности ДНК в) минисателлиты, состоящие преимущественно из ГЦ-повторов г) макросателлиты
10.	Редактирование генов осуществляют с помощью: а) кислот б) солей в) антибиотиков г) <b>систем CRISPR-Cas9, TALEN, ZFN</b>

11.	Белки семейства Cas встречаются у: а) вирусов б) эукариот <b>в) бактерий</b> г) грибов
12.	В основе метода CRISPR-Cas9 лежит фермент: <b>а) нуклеаза</b> б) лигаза в) полимеразы г) ДНКаза
13.	К методу геномного редактирования относят: а) NGS <b>б) CRISPR-Cas9</b> в) ПЦР г) ПДРФ анализ
14.	Рестрикция – это: а) отбор клонов трансформированных бактерий, содержащих плазмиды, несущие нужный ген человека б) введение бактериальных плазмид в бактериальную клетку <b>в) разрезание ДНК ферментом рестрикционной эндонуклеазой</b> г) включение фрагментов ДНК человека в плазмиды и сшивание «липких» концов
15.	Основная проблема использования CRISPR-Cas9 в эукариотических клетках: а) токсичность чужеродного агента б) индукция ферроптоза в) индукция апоптоза <b>г) неспецифическое связывание с ДНК</b>
16.	Отличительной особенностью праймированного редактирования является использование белка: <b>а) обратной транскриптазы</b> б) лигазы в) полимеразы г) нуклеазы
17.	Нуклеаза – это фермент, способный: а) заменять один нуклеотид на другой б) образовывать пиримидиновый гомодимер <b>в) расщеплять нити ДНК</b> г) образовывать АФК
18.	Индель – это: а) метилированная ДНК <b>б) вставка или делеция нескольких нуклеотидов</b> в) однонуклеотидная замена г) хромосомная транслокация
19.	Редактирование оснований – это метод, позволяющий: а) вносить индели в последовательность ДНК <b>б) вносить однонуклеотидную замену в последовательность ДНК</b> в) интегрировать фрагмент гена г) удалять интрон из ДНК
20.	Преобладающим типом репарации ДНК после CRISPR-Cas9 разрыва является: <b>а) негомологичное соединение концов</b> б) направленная гомологичная репарация в) односторонней отжиг г) эксцизионная репарация
21.	Ферментом, сшивающим две цепи ДНК при разрыве, является: а) полимеразы <b>б) лигаза</b> в) эндонуклеаза г) метилтрансфераза
22.	Рекомбинантная ДНК – это: а) молекула ДНК, используемая в генной инженерии для передачи генетического материала внутрь клетки б) кольцевая ДНК в) лигированная ДНК <b>г) фрагмент ДНК, созданный путем объединения как минимум двух фрагментов из двух разных источников</b>
23.	По характеру хранимых данных базы данных делятся на:

	<p><b>а) первичные, вторичные, составные</b>          б) архивные, курируемые, автоматические          в) простые, сложные, составные          г) первичные, вторичные, третичные</p>
24.	<p>По механизму наполнения базы данных можно разделить на:          а) первичные, вторичные, составные  <b>б) архивные, курируемые, автоматические</b>          в) простые, сложные, составные          г) первичные, вторичные, третичные</p>
25.	<p>Цель базы данных:          а) накапливать данные          б) организовывать данные          в) обеспечивать свободный доступ к данным  <b>г) все ответы верны</b></p>
26.	<p>Эндонуклеаза – это:  <b>а) фермент, расщепляющий нуклеотидную цепь на две или более короткие цепи путем расщепления внутренних фосфодиэфирных связей</b>          б) фермент, отщепляющий концевые нуклеотиды от полинуклеотидной цепи путём гидролиза фосфодиэфирных связей между нуклеотидами          в) фермент, катализирующий соединение двух молекул с образованием новой химической связи          г) фермент РНК-полимеразы, который принимает участие в репликации ДНК.</p>
27.	<p>Никаза – это фермент, способный:          а) катализировать репликацию макромолекул          б) синтезировать полимеры нуклеиновых кислот  <b>в) разрезать только одну цепь ДНК</b>          г) катализировать гидролиз ковалентной связи</p>
28.	<p>Нуклеазы Cas доставляют в живые клетки в:          а) виде белков          б) виде мРНК          в) составе экспрессионного ДНК-вектора  <b>г) все ответы верны</b></p>
29.	<p>Каждый цинковый палец способен узнать последовательность из:          а) одного нуклеотида          б) двух нуклеотидов  <b>в) трех нуклеотидов</b>          г) четырех нуклеотидов</p>
30.	<p>Прибор, в котором осуществляется ПЦР, называется          а) секвенатор  <b>б) амплификатор</b>          в) флуориметр          г) биореактор</p>
31.	<p>Для работы полимеразы необходимы:          а) ионы калия          б) ионы марганца          в) ионы железа  <b>г) ионы магния</b></p>
32.	<p>Праймеры – это:  <b>а) короткие искусственно синтезированные олигонуклеотиды</b>          б) термостабильные ферменты          в) «строительный материал» для синтеза новой цепи ДНК          г) участок ДНК, который необходимо амплифицировать</p>
33.	<p>В основе полимеразной цепной реакции лежит процесс:          а) трансляции  <b>б) репликации</b>          в) транскрипции          г) трансдукции</p>
34.	<p>Одноцепочечная молекула ДНК, используемая в качестве индикатора, называется:          а) линкером          б) вектором</p>

	<b>в) зондом</b> г) биосенсором
35.	Нуклеаза FokI используется в методах геномного редактирования: <b>а) TALEN и ZFN</b> б) TALEN и CRISPR-Cas9 в) ZFN и CRISPR-Cas9 г) мегануклеазы и TALEN
36.	Участки транскрипта, активирующие или дезактивирующие РНК-полимеразу через транскрипционные факторы у эукариот: Ответ: энхансеры
37.	Введение рекомбинантных плазмид в бактериальные клетки – это: Ответ: трансформация
38.	Основоположителем геномной инженерии по праву считают: Ответ: Пола Берга
39.	Резкое увеличение риска развития рака при мутациях генов BRCA обусловлено Ответ: нарушением репарации ДНК
40.	Белки, конденсирующие хроматин при делении клеток Ответ: Конденсины
41.	CRISPR в прокариотической клетке выполняет функцию Ответ: противовирусной защиты
42.	Для доставки нуклеиновых кислот в клетку не может быть использован Ответ: Вирус Эпштейна-Барр
43.	Резкое увеличение риска развития рака при мутациях генов BRCA обусловлено Ответ: нарушением репарации ДНК
44.	Микроорганизмы, не имеющие оформленного ядра Ответ: Бактерии
45.	Учение о способах улучшения генофонда человека: Ответ: Евгеника
46.	Какой белок связывается с белком-активатором Ответ: Энхансер
47.	Комплекс осуществляющий синтез ДНК Ответ: Реплисома (комплекс репликативной вилки)
48.	Сущность какого процесса заключается в синтезе молекулы видоспецифичного белка Ответ: Трансляции
49.	Какой белок является удобным инструментом для редактирования геномов Ответ: Нуклеаза Cas9
50.	Субстратами для какого фермента служат рибонуклеозидтрифосфаты Ответ: РНК-полимераза
51.	Метод исследования, который применяется в цитологии Ответ: Гистохимический
52.	В каком комплексе встречаются три основных типа РНК: мРНК, тРНК и рРНК Ответ: Рибосома
53.	Какой белок необходим для соединения фрагментов Оказаки Ответ: ДНК-лигаза
54.	Как называется процесс синтеза кДНК на матрице суммарной РНК Ответ: Обратная транскрипция
55.	Генетический аппарат вирусов представлен Ответ: ДНК и РНК
56.	Как называется процесс разрезания ДНК человека и плазмиды ферментом рестрикционной эндонуклеазой Ответ: Рестрикция
57.	Небольшие молекулы ДНК, физически обособленные от хромосом и способные к автономной репликации Ответ: Плазмиды
58.	Экспериментальный метод молекулярной биологии, способ значительного увеличения малых концентраций определённых фрагментов нуклеиновой кислоты (ДНК) в биологическом материале Ответ: ПЦР
59.	Короткие фрагменты одноцепочечной ДНК, обычно около 20 нуклеотидов в длину



	Ответ: Праймер
60.	Метод, который позволяет установить последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК Ответ: Секвенирование

Критерии и шкалы оценки:

Процентная шкала 0-100 %; отметка в системе

«неудовлетворительно, удовлетворительно, хорошо, отлично»

0-59,99% - неудовлетворительно;

60-74,99% - удовлетворительно;

75- 84,99% -хорошо;

85-100% - отлично.

### 3.2 Собеседование (вопросы для зачета)

ПКв-1Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий с применением основных молекулярно-биологических методов

Номер вопроса	Текст вопроса
61	<p>Что такое геномное редактирование?</p> <p>Ответ: Редактирование генома является одним из видов геномной инженерии, в котором может быть проведено включение, удаление или перемещение фрагментов ДНК в геноме организма, с использованием специфически спроектированных эндонуклеаз, или «молекулярных ножниц». Эти нуклеазы создают сайт-специфичные двухцепочечные разрывы в ДНК в определённом участке генома. Индуцированные двухцепочечные разрывы репарируются в процессе рекомбинации, что позволяет получать направленные мутации. В этом методе используются 4 типа нуклеаз: мегануклеазы, нуклеазы с цинковыми пальцами (zinc fingers), нуклеазы TALEN, и система CRISPR-Cas. Основным способом «доставки» генов — введение ретровирусного вектора, а также использование плазмид. Наибольшее распространение получила технология CRISPR-Cas.</p>
62	<p>Цель и задачи геномного редактирования</p> <p>Ответ: Целью геномного редактирования является изменение свойств конкретных генов внутри целевого организма, либо введение здоровых копий гена, а также выключение гена с помощью инструментов редактирования геномов, таких как мегануклеазы, нуклеазы с цинковыми пальцами (zinc fingers), нуклеазы TALEN, и система CRISPR-Cas. Геномное редактирование является одним из самых востребованных методов направленного изменения экспрессии генов в исследованиях по изучению роли отдельных генов и разработке новых подходов к терапии заболеваний. Методы геномного редактирования активно применяются в фундаментальных и прикладных исследованиях. В обобщённом виде геномное редактирование наиболее востребовано для лечения наследственных заболеваний человека и улучшения свойств хозяйственно значимых организмов.</p>
63	<p>Описание основных инструментов молекулярного клонирования</p> <p>Ответ: Молекулярное клонирование — клонирование молекул ДНК (в том числе генов, фрагментов генов, совокупностей генов, ДНК-последовательностей, не содержащих гены), другими словами — наработка большого количества идентичных ДНК-молекул с использованием живых организмов. Для клонирования используют вставку, вектор и целевой организм. Для молекулярного клонирования вводят в вектор (бактериальную плазмиду или геном бактериофага). Размножаясь, бактерии и фаги многократно увеличивают количество введенной ДНК, в точности сохраняя её структуру. Чтобы затем выделить большое количество такой ДНК, необходимо отделить бактерии или фаги, которые её содержат, от всех остальных, для чего и применяют клонирование, то есть выделение и размножение бактериального или фагового клона, содержащего необходимые молекулы ДНК.</p>
64	<p>Описание типового процесса молекулярного клонирования</p> <p>Ответ: В классических методиках рестрикции и лигирования, клонирование фрагмента ДНК включает четыре стадии: разрезание ДНК эндонуклеазами рестрикции, лигирование ДНК с вектором, трансфекция и последующий скрининг. первоначально необходимо выделить участок ДНК для клонирования. Часто препарат ДНК для клонирования получают при помощи полимеразной цепной реакции, а также разрезания ДНК рестриктазами. После лигирования плазмидой трансформируют бактерии для наращивания. Бактерии далее</p>

	<p>выращивают на селективной среде для отбора колоний, содержащих вставку. Индивидуальные колонии отбирают и изучают на наличие встройки. После лигирования реакцию смесь со встроенным в требуемой ориентации вектором помещают в клетки. В зависимости от типа клеток используют химическую сенситизацию клеток, электропорацию или генные пушки. Получают культуры трансфицированных клеток. Так как описанные выше процедуры часто имеют низкую эффективность, требуются способы выявления клеток, содержащих требуемую вставку в правильной ориентации и отделение таких клеток от не содержащих вставки.</p>
65	<p>Применение плазмид в генной инженерии          Ответ: Плазмиды— небольшие молекулы ДНК, физически обособленные от хромосом и способные к автономной репликации. Главным образом плазмиды встречаются у бактерий, а также у некоторых архей и эукариот (грибов и высших растений). Чаще всего плазмиды представляют собой двухцепочечные кольцевые молекулы. Искусственные плазмиды активно используются в генетической инженерии в качестве векторов, в которые вставляются целевые кодирующие области. Размножая такие плазмиды в бактериальных клетках, можно вырабатывать огромные количества нужного белка. Искусственные плазмиды, которые предназначены для использования в качестве векторов, коммерчески доступны и всегда содержат ориджин репликации, гены, обеспечивающие устойчивость к некоторому антибиотику (для отбора на средах с антибиотиком бактериальных клеток, получивших плазмиду), а также несколько сайтов, распознаваемых разными рестриктазами. Вставку фрагмента осуществляют за счёт обработки рестриктазами плазмиды и фрагмента и последующего лигирования.</p>
66	<p>Применение фагов в генной инженерии          Ответ: Бактериофаги — вирусы, заражающие бактериальные клетки. Бактериофаги применяются в генной инженерии в качестве векторов, переносящих участки ДНК, возможна также естественная передача генов между бактериями посредством некоторых фагов (трандукция). Фаговые векторы обычно создают на базе умеренного бактериофага <math>\lambda</math>, содержащего двухцепочечную линейную молекулу ДНК. Левое и правое плечи фага имеют все гены, необходимые для литического цикла. Средняя часть генома бактериофага <math>\lambda</math> содержит гены, контролируемые лизогению. Данная часть может быть заменена на чужеродный фрагмент ДНК. Векторы на основе бактериофага <math>\lambda</math> используют для клонирования фрагментов ДНК эукариот размером до 23 тысяч пар нуклеотидов. Бактериофаги M13, фаг T4, T7 и фаг <math>\lambda</math> используют для изучения белок-белковых, белок-пептидных и ДНК-белковых взаимодействий методом фагового дисплея.</p>
67	<p>Культуры клеток насекомых в генной инженерии          Ответ: Известны сотни клеточных линий насекомых, полученных из разных бабочек, дрозофилы и других организмов. Для них разработаны бакуловирусные системы доставки генов, позволяющие производить более 500 белков млекопитающих и вирусов, 95% из которых имеют правильные посттрансляционные модификации. Паттерн гликозилирования у этой биосистемы слегка, но всё же отличается от человеческого, и если это считается недостатком при производстве терапевтических препаратов для людей, то при наработке вакцинных антигенов даже предпочтительно. Гуманизировать рекомбинантные гликопротеины позволяет замена генов гликозилтрансфераз насекомых на варианты, типичные для млекопитающих. Если экспрессия гетерологичных генов в клетках млекопитающих часто требует модификации их самих, то в случае клеток насекомых обычно обходятся подготовкой векторов, что сокращает время от клонирования гена до получения его продукта с месяцев до недель. Очень популярна клеточная линия Sf9, полученная из яичников гусеницы-вредителя <i>Spodoptera frugiperda</i>, а также линии Tn-368 и High Five из яичников гусеницы <i>Trichoplusia ni</i>.</p>
68	<p>Культуры клеток млекопитающих в генной инженерии          Ответ: Культивирование клеток - это процесс, в котором клетки растут при контролируемых условиях, как правило, вне их естественной среды. Культуры клеток млекопитающих лишены несовершенств, связанных с посттрансляционной модификацией, но культивировать их сложнее и дороже, чем клетки насекомых и тем более микроорганизмов: контактное торможение роста, горы пластика, дорогие компоненты среды и оборудование. Однако контактное торможение мешает не всем культурам. Клеточные линии, полученные из опухолей, типа знаменитой HeLa, с ним не знакомы — они бессмертны. С использованием культивирования клеток млекопитающих можно производить белок в эффективной форме (четвертичная структура). По сравнению с продуктами жизнедеятельности микроорганизмов в бактериях и дрожжах, последующая переработка значительно сокращена. Кроме того, можно избежать риска заражения при производстве белков человека. Для надежной реализации технологии культивирования клеток млекопитающих требуется оптимизация ряда переменных, включая условия среды культивирования и условия биореактора,</p>

	подходящие клеточные линии, низкие эксплуатационные затраты, эффективное управление процессом и, самое главное, качество.
69	<p>Растения в генной инженерии</p> <p>Ответ: Растения используются как объект генетической манипуляции в генной инженерии. Трансгенные растения – генетически модифицированные растения, у которых трансген введен в ядерный геном. Транспластомные растения – генетически модифицированные растения, у которых трансген введен в хлоропластный геном. Основной целью является получение растений с высокой урожайностью: повышение устойчивости растений к стрессам (заморозки, засуха и др.); создание растений, устойчивых к гербицидам; создание культур, устойчивых к насекомым вредителям; получение вирусоустойчивых растений. Также можно выделить биофарминг – создание растений, способных синтезировать лекарственные белки. Также в генной инженерии используются модельные растения для изучения действия целевых генов. Для модификации растений используется генная пушка либо агробактерия.</p>
70	<p>Человек и другие животные в генной инженерии</p> <p>Ответ: Трансгенные животные, экспериментально полученные животные, содержащие во всех клетках своего организма дополнительную интегрированную с хромосомами и экспрессирующуюся чужеродную ДНК (трансген), которая передается по наследству по законам Менделя. Трансгенные животные широко используются как для решения большого числа теоретических задач, так и в практических целях для биомедицины и сельского хозяйства. На модели трансгенных лабораторных животных проводятся широкие исследования по изучению функции различных генов, регуляции их экспрессии, фенотипическому проявлению генов, инсерционному мутагенезу и др. Трансгенные животные важны для различных биомедицинских исследований. Существует множество трансгенных животных, моделирующих различные заболевания человека (рак, атеросклероз, ожирение и др.). В практических целях трансгенные животные используются различными зарубежными фирмами как коммерческие биореакторы, обеспечивающие производство разнообразных медицинских препаратов (антибиотиков, факторов свертываемости крови и др.).</p>
71	<p>Векторы для клонирования и экспрессии генов</p> <p>Ответ: Вектор — молекула нуклеиновой кислоты, чаще всего ДНК, используемая в генетической инженерии для передачи генетического материала внутрь клетки, в том числе в клетку живого многоклеточного организма <i>in vivo</i>. Для введения небольшого количества ДНК в бактериальные прокариотические безядерные клетки обычно используют плазмиды. Плазмидные векторы позволяют клонировать фрагменты ДНК, размеры которых не превышают 10 т.п.н. Для введения более крупных фрагментов используют плазмиды и космиды. Векторные молекулы должны обладать следующими свойствами:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. способностью автономно реплицироваться в клетке-реципиенте, то есть быть самостоятельным репликоном;</li> <li>2. содержать один или несколько маркерных генов, благодаря экспрессии которых у клетки-реципиента появляются новые признаки, позволяющие отличить трансформированные клетки от исходных;</li> <li>3. содержать по одному или, самое большее, по два участка (сайта) для различных рестриктаз в разных районах (в том числе в составе маркерных генов), но не в области, ответственной за их репликацию.</li> </ol>
72	<p>Редактирование генома путем восстановления двухцепочечных разрывов</p> <p>Ответ: У млекопитающих редактирование генома с помощью нуклеазной системы CRISPR-Cas может вызывать двухцепочечные разрывы (DSB), инициируя один из консервативных путей восстановления. Редактирование генома с помощью CRISPR/Cas9 фактически использует преимущества путей восстановления двухцепочечных разрывов для внесения изменений в определяемые пользователем геномные локусы. Эукариоты обладают высокосоординированными процессами репарации, и двухцепочечные разрывы могут восстанавливаться посредством негомологичного соединения концов или путей гомологичной рекомбинации. Хотя индукция двухцепочечных разрывов ДНК с помощью инструментов редактирования генома может быть устранена как с помощью негомологичного соединения концов, так и гомологичной рекомбинации, асимметрия первого пути у человека и других млекопитающих обычно приводит к неточным результатам. Использование различий фаз клеточного цикла вместе с соответствующей длиной/последовательностью донорской ДНК и малыми молекулами обеспечило дальнейшее улучшение точного редактирования генома.</p>
73	<p>Направляемая гомологией репарация</p> <p>Ответ: Репарация, направленная на гомологию – метод восстановления двухцепочечных разрывов ДНК, который может быть использован для точного введения мутаций, поставляемых синтетическими донорами ДНК. Метод остается ограниченным из-за низкой эффективности и нецелевых эффектов. Доноры направляемой гомологией репарации могут содержать встраиваемые последовательности или специфические мутации, а также ДНК,</p>

	гомологичную целевой последовательности, подлежащей модификации. Сайты вставки модификации должны быть очень близки к двухцепочечным разрывам. Следует отметить один важный момент: ферменты Cas могут продолжать расщеплять ДНК. Другими словами, Cas9 будет продолжать разрезать и восстанавливать вашу целевую ДНК до тех пор, пока не произойдет мутация, разрушающая одну или обе эти последовательности.
74	<p>Применение геномного редактирования</p> <p>Ответ: Геномное редактирование находит области будущего применения в терапии нейромышечных, онкологических, иммунологических, гематологических и нейродегенеративных заболеваний человека. Геномное редактирование предлагает простые средства для создания модифицированных штаммов бактерий и дрожжей для синтетической биологии, включая разработку метаболических путей. Технологии геномного редактирования открывают большие возможности для создания сортов сельскохозяйственных культур с желаемыми характеристиками без введения чужеродной ДНК. Это позволяет получить культуры с желаемыми характеристиками, такими как устойчивость к болезням и засухоустойчивость, не только помогает сократить использование пестицидов, удобрений и воды, но также улучшает качество и безопасность продуктов питания.</p>
75	<p>Этические проблемы геномного редактирования</p> <p>Ответ: К настоящему времени в биоэтике сложилось два проблемных поля, которые во многом определяют специфику этой дискуссии. Первая группа вопросов, которые называют «техническими», касается безопасности, надежности и клинической целесообразности использования технологий геномного редактирования в научных и медицинских целях. По мере совершенствования технологии они будут разрешаться, но процесс их развития нельзя считать полностью лишенным этических измерений, хотя бы потому что ни одно биомедицинское исследование в настоящее время нельзя провести без одобрения этического комитета. Вторая группа – многообразные этические вызовы применения технологий геномного редактирования на соматических и эмбриональных клетках человека. Вмешательство в соматические клетки не вызывает серьезных этических возражений – эти изменения не наследуются будущими поколениями, с ними связаны надежды на излечение от множества наследственных заболеваний, а при проведении исследований должны соблюдаться стандартные этические принципы и нормы. Наиболее напряженная с точки зрения этики область – вмешательство в зародышевую линию, с которой связаны опасения «двойного» использования технологии – в целях лечения и «улучшения человека». Важной этической проблемой является создание «дизайнерских детей».</p>
76	<p>История развития геномного редактирования</p> <p>Ответ: Редактирование генома было впервые разработано в 1990-х годах, до появления распространённых современных платформ редактирования генов на основе нуклеаз, однако его использование было ограничено низкой эффективностью редактирования. Редактирование генома с помощью нуклеаз, то есть всех трех основных классов этих ферментов — цинковых пальцевых нуклеаз (ZFNs), эффекторных нуклеаз, подобных активаторам транскрипции (TALENs), и инженерных мегануклеаз - было выбрано в качестве метода 2011 года. Система CRISPR-Cas была выбрана Science как прорыв 2015 года. По состоянию на 2015 год использовались четыре семейства инженерных нуклеаз: мегануклеазы, цинковые пальцевые нуклеазы (ZFN), эффектороподобные нуклеазы на основе активаторов транскрипции (TALEN) и система CRISPR/Cas9. На 2017 год было доступно девять редакторов генома. В феврале 2020 года исследование в США благополучно показало редактирование гена CRISPR у 3 больных раком. В 2021 году Англия планировала снять ограничения на генетически отредактированные растения и животных</p>
77	<p>Космиды, основные свойства и характеристики</p> <p>Ответ: Космиды — плазмиды, содержащие фрагмент ДНК фага лямбда включая cos-участок. Вместе с системами упаковки в фаговые частицы <i>in vitro</i> используются как векторные молекулы для клонирования генов и при построении геномных библиотек. С помощью космид можно клонировать участки ДНК размером 32-47 т.п.н. Cos-участок состоит из ~200 пар оснований и необходим для упаковки космиды в фаговую частицу. Космида имеет размер около 5 т.п.н. и обязательно включает следующие элементы: cos-участок, необходимый для упаковки в вирионы фага лямбда, ориджин для репликации в клетке бактерий или эукариот, сайты распознавания эндонуклеазами рестрикции и маркерный ген (например, ген резистентности к какому-либо антибиотику). Поскольку космиды дают возможность клонировать относительно большие участки ДНК, они являются удобными векторами для создания библиотек фрагментов геномов эукариот полученных путём частичного расщепления эндонуклеазами рестрикции. Процедура клонирования включает в себя генерацию двух ветвей вектора, которые затем присоединяются к чужеродной ДНК. Отбор по ДНК космид дикого типа осуществляется просто путем исключения размера.</p>

	Космиды всегда образуют колонии, а не бляшки.
78	<p>Методы доставки плазмид в бактериальные клетки</p> <p>Ответ: Выделяют два основных способа доставки плазмид внутрь бактериальной клетки – электропорация и химическая трансформация. Явление электропорации основано на том, что мембраны обладают способностью концентрировать электрическое поле. При приложении к суспензии клеток импульсов электрического поля с напряженностью от нескольких сотен до нескольких тысяч вольт на см и длительностью от десятков микросекунд до десятков миллисекунд удается вызвать резкий рост проводимости клеточных мембран. Образуются поры в жидком билипидном слое через которые может проходить плаزمид. Химическая трансформация включает два этапа: получение компетентных клеток и собственно трансформацию. Первая стадия необходима для формирования бактерий, восприимчивых к посторонней ДНК. На второй создаются условия для проникновения выделенного фрагмента внутрь оболочки и образования модифицированного микроорганизма. При химической трансформации проводится процедура теплового шока.</p>
79	<p>Питательные среды: состав, назначение, техника приготовления</p> <p>Ответ: Питательная среда — однокомпонентный или многокомпонентный субстрат, применяемый для культивирования микроорганизмов или культур клеток высших организмов. В их состав входят различные аминокислоты, соли, витамины, гормоны, факторы прикрепления и роста, смешанные в определённых пропорциях. Питательная среда должна быть изотоничными для микробной клетки; то есть осмотическое давление в среде должно быть таким же, как внутри клетки, а также обладать определённым окислительно-восстановительным потенциалом. Среда должна содержать все необходимые питательные компоненты в легкоусвояемой форме, быть изотонической, сбалансированной с высокой буферной ёмкостью. Исходным сырьём для приготовления большинства сред служат продукты животного и растительного происхождения, а также готовые полуфабрикаты. Этапы приготовления питательных сред включают следующие этапы: варка, установление pH, осветление (производят, если при варке среды мутнеют или темнеют), фильтрация жидких и расплавленных желатиновых сред, разлитие по емкостям, стерилизация, контроль.</p>
80	<p>Классификация питательных сред</p> <p>Ответ: По исходным компонентам: натуральные среды — готовят из продуктов животного и растительного происхождения (мясо, асцит, костная мука, кормовые дрожжи, сгустки крови и др.); синтетические среды — готовят из определённых химически чистых органических и неорганических соединений, взятых в точно указанных концентрациях и растворённых в дважды дистиллированной воде. По степени готовности: готовые питательные среды (в чашках Петри, во флаконах); сухие смеси. По консистенции: жидкие (бульоны); полужидкие; плотные. По составу: простые: мясопептонный бульон (МПБ), мясопептонный агар (МПА), питательный желатин; сложные — многокомпонентные среды. По назначению: основные — служат для культивирования большинства микроорганизмов; специальные — служат для выделения и выращивания микроорганизмов, не растущих на простых средах; селективные (избирательные) — служат для выделения определённого вида микробов; дифференциально-диагностические — позволяют отличить один вид микробов от другого по ферментативной активности; транспортные — предназначены для первичного посева и транспортировки исследуемого материала</p>
81	<p>Способы культивирования аэробных и анаэробных микроорганизмов</p> <p>Ответ: Поскольку микроорганизмы по-разному относятся к молекулярному кислороду, это определяет и различия в способах их культивирования.</p> <p>Культивирование аэробных микроорганизмов проводят следующим образом: на поверхности плотных сред или в тонком слое жидких сред, когда микроорганизмы получают кислород непосредственно из воздуха; в жидких средах (глубинное культивирование). В этом случае микроорганизмы используют растворенный в среде кислород. В связи с низкой растворимостью кислорода, для обеспечения роста аэробных бактерий в толще среды, требуется постоянное аэрирование. Культивирование анаэробных микроорганизмов более сложно, чем выращивание аэробов, так как здесь должен быть сведен до минимума контакт микроорганизмов с молекулярным кислородом. Для создания анаэробных условий используют различные приемы. Их подразделяют на физические, химические и биологические. Все они основаны на том, что микроорганизмы культивируют в каком-то замкнутом пространстве. К физическим методам создания анаэробных условий относится культивирование в микроанаэроstate – вакуумном аппарате для выращивания микроорганизмов, в котором воздух замещен газовой смесью. К химическим методам относится: 1) Использование химических веществ, поглощающих молекулярный кислород. В качестве поглотителей молекулярного кислорода в лабораторной практике используют</p>

	щелочной раствор пирогаллола, дитионит натрия ( $\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_4$ ), металлическое железо, хлорид одновалентной меди и некоторые другие реактивы; 2) Использование восстанавливающих агентов, которые добавляют в большинство сред для снижения окислительно-восстановительного потенциала среды: тиогликолат натрия, цистеин, аскорбиновая кислота. Как пример биологического способа создания анаэробных условий - выращивание совместно с аэробными или факультативно-анаэробными бактериями.
82	<p>Техника посева микроорганизмов в питательные среды</p> <p>Ответ: Для посевов применяют микробиологические петли, реже — иглы и шпатели. Чаще всего для культивирования используются пробирка и чашка Петри. Универсальным инструментом для засева культуры является бактериальная петля. Помимо неё, для посева уколом применяют специальную бактериальную иглу, а для посевов на чашках Петри — металлические или стеклянные шпатели. Для посевов жидких материалов наряду с петлёй используются градуированная и пастеровская пипетки. При посеве на плотные питательные среды пробирку в левую руку, а правой, плотно обхватив пробку четвертым и пятым пальцами, вынимают её. Удерживая другими пальцами той же руки петлю, сначала в горизонтальном, а потом в вертикальном положении её вносят в открытое пламя и прожигают до красного каления. Остывшей петлёй набирают посевной материал, после чего закрывают пробирку пробкой, предварительно проведя край пробирки над пламенем спиртовки. Пробку при этом обжигать не следует. Затем в пробирку со скошенным агаром вносят петлю с посевным материалом, опуская её до конденсата в нижней части среды, и зигзагообразным движением распределяют материал по скошенной поверхности агара. Вынув петлю, обжигают край пробирки и закрывают её пробкой. Петлю фламбируют в пламени горелки и ставят в штатив рукояткой вниз. Пробирки с посевами подписывают заранее, указывая дату посева, номер исследования и название культуры. Посевы «газоном» производят на плотную питательную среду в чашке Петри. Для этого, приоткрыв левой рукой крышку, петлёй или пипеткой наносят посевной материал на поверхность питательного агара по методу Дригальского. После инкубации посева появляется равномерный сплошной рост бактерий с разделением их на колонии. Идентификацию выделенных бактериальных культур проводят путём изучения морфологии бактерий, их культуральных, биохимических и других признаков, присущих каждому виду.</p>
83	<p>Мегануклеазы</p> <p>Ответ: Мегануклеазы - эндодезоксирибонуклеазы, характеризующиеся большим сайтом распознавания (двухцепочечные последовательности ДНК от 12 до 40 пар оснований); в результате этот сайт обычно встречается только один раз в любом данном геноме. Мегануклеазы обнаружены в большом количестве организмов – архей или архебактерий, бактерий, фагов, грибов, дрожжей, водорослей и некоторых растений. Высокая специфичность мегануклеаз придает им высокую степень точности и гораздо меньшую клеточную токсичность, чем другим природным ферментам рестрикции. Существует пять семейств, или классов, хоминговых эндонуклеаз. Наиболее распространенными и наиболее известными являются семейства LAGLIDADG. Для создания индивидуальных мегануклеаз были приняты два основных подхода: модификация специфичности существующих мегануклеаз путем введения небольшого числа вариаций аминокислотной последовательности и последующего отбора функциональных белков по вариациям естественного сайта распознавания. Более радикальным вариантом было использование свойства, которое играет важную роль в естественной высокой степени диверсификации мегануклеаз: возможность ассоциации или слияния белковых доменов различных ферментов.</p>
84	<p>Описание метода CRISPR-Cas9</p> <p>Ответ: Системы CRISPR-Cas обнаружены почти у всех известных архей и половины бактерий. Чаще они находятся на хромосоме, реже — в составе фагов (вирусов бактерий) и других мобильных генетических элементов. Эти системы состоят из двух основных блоков: CRISPR-кассеты и прилегающего к ней кластера генов cas. Cas9 — это управляемая при помощи РНК-гидов эндонуклеаза, связанная с адаптивной иммунной системой CRISPR (англ. Clustered Regularly Interspaced Palindromic Repeats) у ряда бактерий, в частности <i>Streptococcus pyogenes</i>. Cas9 выполняет проверку посредством раскручивания инородной ДНК и определения её комплементарности с двадцатью спаренными основаниями спейсера управляющей РНК. CRISPR/Cas9 является наиболее эффективным и простым методом геномного редактирования. Комплекс состоит из двух компонентов: направляющей РНК и белка нуклеазы. CRISPR-Cas9 – это система, используемая бактериями для защиты от нападения вирусов, но недавно её удалось приспособить для редактирования генома в определённых позициях. Направляющая РНК имеет область узнавания длиной 18-20 п.о., которая связывается с комплементарной последовательностью ДНК, называемой «протоспейсером». Направляющая РНК способна взаимодействовать с ДНК только в тех</p>

	<p>случаях, когда там присутствует специальная последовательность – PAM (protospacer adjacent motif). PAM представляет собой короткую последовательность (длиной обычно 2–6 пар оснований), которая следует за участком ДНК, предназначенным для расщепления системой CRISPR. Канонический PAM представляет собой последовательность 5'-NGG-3', где «N» представляет собой любое азотистое основание, за которым следуют два основания гуанина («G»). Существует несколько подходов для проведения экспериментов с использованием системы CRISPR/Cas9 – это трансфекция плазмидного вектора, конститутивно экспрессирующей направляющей РНК и белок Cas9, доставка компонентов геномного редактирования в составе вирусного вектора и трансфекция рибонуклеопротеидного комплекса (РНП).</p>
85	<p>Разнообразии систем CRISPR-Cas9</p> <p>Ответ: На основе устройства эффекторных белковых комплексов системы CRISPR/Cas разделяют на два класса. В системах класса 1 эффекторный комплекс образован множеством субъединиц, в том числе несколькими белками Cas, а в системах класса 2 эффектором является один большой многодоменный белок. Классы систем CRISPR/Cas подразделяются на несколько типов. К классу 1 относятся типы I, III и IV, а к классу 2 — типы II, V и VI. Деление на типы основано на устройстве эффекторных комплексов, причем в системах одного и того же типа, как правило, в состав комплекса входит особый сигнатурный белок, уникальный для систем этого типа. Типы, в свою очередь, делятся на подтипы, различающиеся особенностями строения локуса CRISPR и, в некоторых случаях, наличием уникальных белков Cas. В системах класса 1 созревание (процессинг) crРНК катализирует сложный комплекс из белков Cas, известный как Cascade. Он связывается с транскриптом-предшественником crРНК (pre-crРНК) и привлекает дополнительный белок Cas6 (реже Cas5) — нуклеазу, осуществляющую процессинг. В наиболее изученных представителях класса 2 — системах типа II — процессинг катализирует фермент, не имеющий отношения к системе CRISPR/Cas, — бактериальная РНКаза III — при участии дополнительных РНК — трансдействующих CRISPR-РНК (tracrРНК от trans-acting). tracrРНК описаны также в системах типа V класса 2. Однако в системах этого типа и типа VI пока еще не охарактеризована нуклеаза, которая осуществляет процессинг предшественника crРНК. Но известно, что она также входит в состав эффекторного комплекса, разрушающего чужеродную ДНК.</p>
86	<p>Описание метода TALEN</p> <p>Ответ: Эффекторные нуклеазы, подобные активаторам транскрипции (TALENs), представляют собой специфические ДНК-связывающие белки, которые содержат массив из 33 или 34 аминокислотных повторов. TALEN - это искусственные ферменты рестрикции, созданные путем слияния домена нуклеазы, разрезающего ДНК, с доменами TALE, которые могут быть адаптированы для специфического распознавания уникальной последовательности ДНК. Эти слитые белки служат легко нацеливаемыми "ножницами" для приложений редактирования генов, которые позволяют выполнять целевые модификации генома, такие как вставка, делеция, репарация и замена последовательностей в живых клетках. ДНК-связывающие домены, которые могут быть сконструированы для связывания любой желаемой последовательности ДНК, происходят из эффекторов TAL, ДНК-связывающих белков, выделяемых патогенным растением <i>Xanthomanos</i> spp. Эффекторы TAL состоят из повторяющихся доменов, каждый из которых содержит высококонсервативную последовательность из 34 аминокислот, и распознают единственный нуклеотид ДНК в пределах целевого сайта. Нуклеаза может создавать двухцепочечные разрывы в целевом сайте, которые могут быть восстановлены с помощью подверженного ошибкам негомологичного соединения концов (NHEJ), что приводит к сбоям в работе гена из-за введения небольших вставок или делеций. Каждый повтор сохраняется, за исключением так называемых ди-остатков с переменной повторяемостью (RVD) в положениях аминокислот 12 и 13. RVD определяют последовательность ДНК, с которой TALE будет связываться. Это простое взаимно однозначное соответствие между повторами TALE и соответствующей последовательностью ДНК упрощает процесс сборки массивов повторов для распознавания новых последовательностей ДНК. Эти TALEs могут быть присоединены к каталитическому домену ДНК-нуклеазы FokI для генерации эффекторной нуклеазы, подобной активатору транскрипции (TALEN). Полученные конструкции TALEN сочетают специфичность и активность, эффективно генерируя инженерные нуклеазы, специфичные для последовательности, которые связывают и расщепляют последовательности ДНК только в заранее выбранных участках. Система распознавания мишеней TALEN основана на легко прогнозируемом коде. Нуклеазы TAL специфичны к своей мишени отчасти из-за длины их сайта связывания более 30 пар оснований.</p>
87	<p>Описание метода цинковых пальцев</p> <p>Ответ: концепция, лежащая в основе редактирования с помощью цинковых пальцев, основана на неспецифическом каталитическом домене для разрезания ДНК, который затем</p>

	<p>может быть связан со специфическими пептидами, распознающими последовательность ДНК. Первым шагом к этому было найти эндонуклеазу, у которой сайт распознавания ДНК и сайт расщепления были отделены друг от друга, что не является наиболее распространенной ситуацией среди ферментов рестрикции. Как только этот фермент был найден, его расщепляющая часть могла быть отделена, что было бы очень неспецифично, поскольку у него не было бы способности к распознаванию. Затем эта часть может быть связана с пептидами, распознающими последовательность, что может привести к очень высокой специфичности. Мотивы цинкового пальца присутствуют в нескольких факторах транскрипции. Они чаще всего расположены в местах взаимодействия белка с ДНК, где они стабилизируют мотив. Распознанные последовательности короткие, состоят примерно из 3 пар оснований, но путем объединения 6-8 цинковых пальцев, сайты распознавания которых были охарактеризованы, можно получить специфические белки для последовательностей примерно из 20 пар оснований. Таким образом, возможно контролировать экспрессию определенного гена. Нуклеазы цинкового пальца - это инструменты исследований и разработок, которые уже использовались для модификации ряда геномов.</p>
88	<p>Описание метода праймированного редактирования          Ответ: Метод праймированного редактирования генома (prime editing) — модификация системы CRISPR-Cas9, позволяющая вносить изменения без двухцепочечного разрыва. Метод использует каталитически ослабленную нуклеазу Cas9, сшитую с обратной транскриптазой. Никаза вносит одноцепочечный разрыв в сайт-мишень, а затем на матрице модифицированной гидовой РНК происходит синтез ДНК с желаемыми модификациями. Метод хорошо подходит для коротких инсерций и делеций (десятки п. о.), однако до сих пор невозможно было достаточно эффективно редактировать последовательности размером с типичный экзон. Прайм-редактирование включает в себя три основных компонента: основная направляющая РНК редактирования; гибридный белок, состоящий из нуклеазы Cas9 H840A, слитой с обратной транскриптазой вируса мышинного лейкоза Молони (M-MLV); Одна направляющая РНК (sgRNA), которая направляет часть нуклеазы Cas9 H840A слитого белка на разрыв нередатируемой цепи ДНК. Редактирование генома происходит путем трансфекции клеток направляющей РНК редактирования и гибридного белка. Трансфекцию часто осуществляют путем введения векторов в клетку.</p>
89	<p>Основные различия между CRISPR-Cas9 и праймированным редактированием          Ответ: Основное отличие этих двух систем заключается в том, что метод праймированного редактирования генома по сути является модификацией системы CRISPR-Cas9, позволяющая вносить изменения без двухцепочечного разрыва. Эта технология напрямую записывает новую генетическую информацию в целевой участок ДНК. В методе праймированного редактирования используется гибридный белок, состоящий из каталитически нарушенной эндонуклеазы Cas9, слитой с сконструированным ферментом обратной транскриптазы, и основной направляющей РНК редактирования, способной идентифицировать целевой сайт и предоставлять новую генетическую информацию для замены целевых нуклеотидов ДНК. Одной из распространенных проблем традиционных направляющих редактирование РНК является деградация 3'-конца, что приводит к снижению эффективности праймированного редактирования. В отличие от CRISPR-Cas9 метод праймированного редактирования хорошо подходит для коротких инсерций и делеций.</p>
90	<p>Преимущества и недостатки праймированного редактирования          Ответ: Прайм-редактирование позволяет добавлять или удалять конкретные участки генетической информации. Особенностью этого типа редактирования генов является то, что он работает только с одной нитью ДНК, а не с двумя. Это снижает количество ошибок и позволяет редактировать гены с точностью до 89%. Традиционный на сегодняшний день инструмент для редактирования генов CRISPR/Cas9 в среднем делает от 1 до 10 ошибок за операцию. Кроме того, метод праймированного редактирования является универсальным, система справляется с любыми заменами нуклеотидов и другими нарушениями последовательности гена. Точность праймированного редактирования связана с тем, что все изменения осуществляются в три этапа подтверждения. Если на каком-то из них есть неточности, процесс завершается. К недостаткам метода можно отнести более сложную и трудоемкую процедуру создания редактирующей системы и непосредственно проведения редактирования геномов.</p>

#### Критерии и шкалы оценки:

- оценка **«зачтено»** выставляется студенту, если он показывает владение информацией на темы изучаемой дисциплины в объеме, достаточном для качественного выполнения всех профессиональных действий;



- оценка «**не зачтено**», если студент не демонстрирует владение информацией на темы изучаемой дисциплины, в объеме, требуемом для выполнения профессиональных действий.

#### **4. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности**

Процедуры оценивания в ходе изучения дисциплины знаний, умений и навыков, характеризующих этапы формирования компетенций, регламентируются положениями:

- П ВГУИТ 2.4.03 Положение о курсовых, экзаменах и зачетах;
- П ВГУИТ 4.1.02 Положение о рейтинговой оценке текущей успеваемости.

Для оценки знаний, умений, навыков обучающихся по дисциплине применяется рейтинговая система. Итоговая оценка по дисциплине определяется на основании определения среднеарифметического значения баллов по каждому заданию.

Зачет по дисциплине выставляется в зачетную ведомость по результатам работы в семестре после выполнения всех видов учебной работы, предусмотренных рабочей программой дисциплины (с отметкой «зачтено») и получении по результатам тестирования по всем разделам дисциплины не менее 60

## 5. Матрица соответствия результатов обучения, показателей, критерием и шкал оценки

Результаты обучения (на основе обобщённых компетенций)	Предмет оценки (продукт или процесс)	Показатель оценки	Критерии оценки	Шкала оценки	
				Академическая оценка (зачтено/незачтено)	Уровень освоения компетенции
ПКв-6 - Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий					
<b>Знает</b>	Знание фундаментальных разделов математики и биоинформатики; основных молекулярно-генетических и молекулярно-биологических методов исследований; задач научного исследования в области биоинженерии и биоинформатики, генетики и генетических технологий; влияния генетических технологий на окружающую среду и человека; современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Изложение фундаментальных разделов математики и биоинформатики; основных молекулярно-генетических и молекулярно-биологических методов исследований; задач научного исследования в области биоинженерии и биоинформатики, генетики и генетических технологий; влияния генетических технологий на окружающую среду и человека; современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Изложены основные задачи научного исследования в области биоинженерии и биоинформатики. Показано влияние генетики и генетических технологий на окружающую среду и человека. Предложены генетические и молекулярно-биологические методы исследований, дана характеристика современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Зачтено/ 60-100;	Освоена (базовый)
			Не изложены основные задачи научного исследования в области биоинженерии и биоинформатики. Не знает влияние генетики и генетических технологий на окружающую среду и человека. Не знает генетические и молекулярно-биологические методы исследований, не дана характеристика современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании	Не зачтено/ 0-59	Не освоена (недостаточный)
<b>Умеет</b>	Собеседование по лабораторной работе	Применение своих знаний для выявления и формулирования задач и проблем в области	Самостоятельно выполнена лабораторная работа, проведен анализ полученных научных результатов, правильно сделаны выводы. Работа оформлена в	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)

		генетики и генетических технологий. Умение использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в области генетики; Оценка воздействия генетических технологий на окружающую среду и человека	соответствие с требованиями. Лабораторная работа не выполнена.	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
<b>Владеет</b>	решение тестовых заданий	Владение методами: - математического моделирования в области генетики, геномики и генетических технологий; - оценки воздействия генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды; - геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании; - прогнозирования последствий применения генетических технологий и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды; - сбора, обработки и анализа научной информации.	Обучающийся ответил на 85-100 % вопросов	Отлично	Освоена / повышенный
			Обучающийся ответил на 70-84,99 % вопросов	Хорошо	Освоена / повышенный
			Обучающийся ответил на 50-69,99 % вопросов	Удовлетворительно	Освоена / базовый
			Обучающийся ответил на 0-49,99 % вопросов	неудовлетворительно	Не освоена / недостаточный