

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

Генная инженерия

Направление подготовки

06.03.01 Биология

Направленность (профиль)

Пищевая микробиология

Квалификация выпускника

бакалавр

Воронеж

1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины "Генная инженерия" 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	ИД2 _{ПКв-6} - Применяет основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий
			ИД3 _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании
			ИД4 _{ПКв-6} - Формулирует задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
			ИД5 _{ПКв-6} - 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)
ИД2 _{ПКв-6} - 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 генной инженерии
	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 генной инженерии
	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 _{ПКв-6} - 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 _{ПКв-6} - Формулирует задачи научного исследования в области	Знает: задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий
	Умеет: проводить исследования в области генетики и генетических

генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.	технологий Владеет: владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
ИД5 _{ПКв-6} - 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 генной инженерии на окружающую среду и человека
	Умеет: оценивать воздействие генной инженерии на окружающую среду и человека
	Владеет: методами прогнозирования последствий применения генной инженерии 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», «Редактирование геномов: актуальные задачи и технологии», «Биоинженерия в современных пищевых технологиях», «Биоинформатика».

Дисциплина является предшествующей для изучения дисциплин «Основы микробиологического синтеза», «Спецпрактикум по пищевой микробиологии», «Биологическая безопасность сырья и продуктов животного и растительного происхождения», «Агробиотехнология и рециклинг биоотходов агропромышленного комплекса» практической подготовки и подготовки выпускной квалификационной работы.

4. Объем дисциплины (модуля) и виды учебной работы

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 3 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		7 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	108	108
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	45,85	45,85
Лекции	15	15
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические занятия	15	15
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	15	15
Лабораторные занятия	15	15
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	15	15
Консультации текущие	0,75	0,75
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	62,15	62,15
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	20,15	20,15
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	18	18
Домашнее задание	24	24

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	Стратегия молекулярного клонирования.	Генная инженерия как наука, цель, задачи. Основные теоретические положения и предпосылки для развития. Плазмиды, классификация, характеристики, применение. Рестриктазы и другие ферменты, используемые в генной инженерии. Контроль исследований в области рекомбинантных ДНК. Типы векторных молекул и их конструирование. Типы векторных молекул: амплификаторы, фьюжен, вектора экспрессии, вектора секреции, бинарные вектора. Конструирование векторов. Векторы на основе бактериальных плазмид. Векторы на основе фага лямбда, однокитевых фагов. Космиды, фагмиды, фазмиды. РЕТвектора, интегративные вектора. Искусственные хромосомы. Клонирование структурных генов эукариот	32,7
2	Методы генной инженерии.	Методы генной инженерии. Система полимеразной цепной реакции и ее применение., ПЦР в реальном времени, ПЦР с обратной транскриптазой. Методы секвенирования ДНК. Пирофосфатное секвенирование, нанотехнологии в основе секвенирования нового поколения, секвенирование в реальном времени, торрент-секвенирование. Программы поиска открытой рамки считывания) ORF. Блоттинг по Саузерну. Northern- и Western- блоттинги. Прогулка по хромосоме. Генная инженерия бактерий и дрожжей. Генная инженерия бактерий. ДНК-диагностика. Получение коммерческих продуктов - рестриктаз, аскорбиновой кислоты, аминокислот, антибиотиков. Биодegradация токсических соединений. Микробные инсектициды. Генная инженерия дрожжей. Дрожжевые плазмиды. Дрожжевые векторы и их назначение: интегративные, репликативные, эписомные, центромерные. Искусственные хромосомы дрожжей.	32,7
3	Генная инженерия человека, растений и животных.	Генная инженерия растений. Трансформация Ti-плазмидой, слияние протопластов, перенос генов физическими методами. Применение репортерных генов, экспрессия чужеродных генов в хлоропластах. Генная инженерия животных. Рекомбинантные бакулловирuсы. Векторы на основе вирусов и мобильных элементов. Использование ретровирусов, микроинъекций ДНК, стволовых клеток, искусственных хромосом для получения трансгенных животных. Клонирование с помощью переноса ядра. Генная инженерия человека. Генотерапия, основные методы: ex vivo и in vivo. Вирусные системы доставки терапевтических генов. Невирусные системы доставки генов. Лекарственные средства на основе олигонуклеотидов. Программа Геном человека и ее практическая значимость. Наследственные заболевания и способы их преодоления.	41,75
		<i>Консультации текущие</i>	0,75
		<i>Вид аттестации (зачет)</i>	0,1

5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, ак. ч	ПЗ (или С), ак. ч	ЛР, ак. ч	СРО, ак. ч
1	Стратегия молекулярного клонирования.	4	4	4	20,7
2	Методы генной инженерии.	4	4	4	20,7
3	Генная инженерия человека, растений и животных.	7	7	7	20,75

	Консультации текущие	0,75
	Вид аттестации (зачет)	0,1

5.2.1 Лекции

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика лекционных занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Стратегия молекулярного клонирования.	Генная инженерия как наука, цель, задачи. Основные теоретические положения и предпосылки для развития. Плазмиды, классификация, характеристики, применение. Рестриктазы и другие ферменты, используемые в генной инженерии. Контроль исследований в области рекомбинантных ДНК. Типы векторных молекул и их конструирование. Типы векторных молекул: амплификаторы, фьюжен, вектора экспрессии, вектора секреции, бинарные вектора. Конструирование векторов. Векторы на основе бактериальных плазмид. Векторы на основе фага лямбда, однонитевых фагов. Космиды, фагмиды, фазмиды. РЕТ вектора, интегративные вектора. Искусственные хромосомы. Клонирование структурных генов эукариот	4
2	Методы генной инженерии.	Методы генной инженерии. Система полимеразной цепной реакции и ее применение., ПЦР в реальном времени, ПЦР с обратной транскриптазой. Методы секвенирования ДНК. Пирофосфатное секвенирование, нанотехнологии в основе секвенирования нового поколения, секвенирование в реальном времени, торрент-секвенирование. Программы поиска открытой рамки считывания) ORF. Блоттинг по Саузерну. Northern- и Western- блоттинги. Прогулка по хромосоме. Генная инженерия бактерий и дрожжей. Генная инженерия бактерий. ДНК-диагностика. Получение коммерческих продуктов - рестриктаз, аскорбиновой кислоты, аминокислот, антибиотиков. Биodeградация токсических соединений. Микробные инсектициды. Генная инженерия дрожжей. Дрожжевые плазмиды. Дрожжевые векторы и их назначение: интегративные, репликативные, эписомные, центромерные. Искусственные хромосомы дрожжей.	4
3	Генная инженерия человека, растений и животных.	Генная инженерия растений. Трансформация T1-плазмидой, слияние протопластов, перенос генов физическими методами. Применение репортерных генов, экспрессия чужеродных генов в хлоропластах. Генная инженерия животных. Рекомбинантные бакулловирусы. Векторы на основе вирусов и мобильных элементов. Использование ретровирусов, микроинъекций ДНК, стволовых клеток, искусственных хромосом для получения трансгенных животных. Клонирование с помощью переноса ядра. Генная инженерия человека. Генотерапия, основные методы: ex vivo и in vivo. Вирусные системы доставки терапевтических генов. Невирусные системы доставки генов. Лекарственные средства на основе олигонуклеотидов. Программа Геном человека и ее практическая значимость. Наследственные заболевания и способы их преодоления.	7

5.2.2 Практические занятия (семинары)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика практических занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Стратегия молекулярного клонирования.	Классификация и специфичность рестриктаз, механизмы гидролиза ДНК. Фосфатазы, лигазы, ДНК-полимеразы, обратная транскриптаза, терминальная трансфераза - основные инструменты в генной инженерии. Плазмиды - как вектора для генно-инженерных исследований	4
2	Методы генной	Методы выделения и детекции ДНК, пульс-электрофорез, ПЦР,	4

	инженерии.	ПЦР в реальном времени, биоинформационный анализ и подходы к выравниванию ДНК. Создание библиотек кДНК. Клонирование эукариотических генов.	
3	Генная инженерия человека, растений и животных.	Устойчивость трансгенных растений к насекомым-вредителям, вирусам, гербицидам, неблагоприятным воздействиям. Растения как биореакторы. Животные как биореакторы, модели наследственных заболеваний.	7

5.2.3 Лабораторный практикум

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Наименование лабораторных работ	Трудоемкость, ак. ч
1	Стратегия молекулярного клонирования.	Клонирование ДНК. Освоение методов работы с плазмидами и рестриктазами. Выделение, рестрикционный анализ, типы плазмид. Получение рекомбинантных молекул. Освоение методов трансформации. Требования к векторным молекулам. Электрофорез плазмид и идентификация в ЭБ.	4
2	Методы генной инженерии.	Производство лекарств: инсулин, интерфероны, гормон роста. Производство антител. Генно-инженерные вакцины. Применение жрожжевых векторных молекул в практике.	4
3	Генная инженерия человека, растений и животных.	Ретровирусные системы доставки, аденовирусные системы доставки, векторы на основе вируса герписа. Антисмысловые олигонуклеотиды как лекарственные средства. Коррекция генетических дефектов.	7

5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудоемкость, час
1	Стратегия молекулярного клонирования.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	6,7
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
		Домашнее задание	8
2	Методы генной инженерии.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	6,7
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
		Домашнее задание	8
3	Генная инженерия человека, растений и животных.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	6,75
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	6
		Домашнее задание	8

6 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Для освоения дисциплины обучающийся может использовать:

6.1 Основная литература

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

Резяпкин, В. И. Генная инженерия: практикум : учебное пособие. — 6-е изд., перераб. — Гродно : ГрГУ им. Янки Купалы, 2023. — 65 с. <https://e.lanbook.com/book/338117>

Загоскина, Н. В. Генетическая инженерия : учебник и практикум для вузов (гриф УМО ВО). — Москва : Издательство Юрайт, 2023. — 118 с. <https://urait.ru/bcode/530292>

6.2 Дополнительная литература

Петрова, Г. А. Биотехнология и генная инженерия в лесокультурном производстве : учебное пособие. — Казань : КГАУ, 2017. — 80 с.
<https://e.lanbook.com/book/138607>

Колычев, Н. М. Ветеринарная микробиология и микология : учебник / Н. М. Колычев, Р. Г. Госманов. — 3-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 624 с. — ISBN 978-5-8114-4735-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/207101>

6.3 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся

Скворцова, Н. Н. Основы генетической инженерии : учебно-методическое пособие. — Санкт-Петербург : НИУ ИТМО, 2015. — 58 с. :
<https://e.lanbook.com/book/91514>

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

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

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) https://acrobat.adobe.com/ru/ru/acrobat/pdf-reader/volume-distribution.html
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. https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license
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. https://www.microsoft.com/ru-

	ru/licensing/licensing-programs/open-license Microsoft Open License Microsoft Office Professional Plus 2010 Russian Academic OPEN 1 License No Level #61181017 от 20.11.2012 г. https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license
Microsoft Office 2007 Standart	Microsoft Open License Microsoft Office 2007 Russian Academic OPEN No Level #44822753 от 17.11.2008 https://www.microsoft.com/ru-ru/licensing/licensing-programs/open-license
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

Программы	Лицензии, реквизиты подтверждающего документа
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

Учебная аудитория № 204 для проведения учебных занятий.	Проектор Epson EB-S41. Комплекты мебели для учебного процесса. Набор демонстрационного материала и комплекты оценочных материалов, обеспечивающих тематические иллюстрации и проведение профильных тренингов.
Учебная аудитория № 419 для проведения учебных занятий.	Микроскоп «МикроМед Р-1» - 12 шт., микроскоп E-200 с цифровой камерой Levenhuk C510 NG 5M, холодильник, ноутбук, мультимедийный проектор ACER, экран. Комплекты мебели для учебного процесса. Альт Образование 8.2 [Лицензия № AAA.0217.00 г. по «Бессрочно»], 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)].
Учебная аудитория № 416 помещение для самостоятельной работы обучающихся	Компьютеры - 2 шт., ноутбук, мультимедийный проектор ACER, экран. Комплекты мебели для учебного процесса. Альт Образование 8.2 [Лицензия № AAA.0217.00 г. по «Бессрочно»], 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)].

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 3 зачетные единицы

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		8 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	108	108
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	18,4	18,4
Лекции	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические занятия	6	6
Лабораторные занятия	6	6
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	6	6
Консультации текущие	0,3	0,3
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	89,6	89,6
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	30	30
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	30	30
Домашнее задание	29,6	29,6

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

Генная инженерия

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	ИД2 _{ПКв-6} - Применяет основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генетики и генетических технологий
			ИД3 _{ПКв-6} - Квалифицированно использует современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании
			ИД4 _{ПКв-6} - Формулирует задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
			ИД5 _{ПКв-6} - Оценивает воздействие генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозирует последствия их применения, оценивает их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД2 _{ПКв-6} - 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 геномной инженерии
	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 геномной инженерии
	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 _{ПКв-6} - 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 _{ПКв-6} - Формулирует задачи научного	Знает: задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий

исследования в области генетики и генетических технологий, владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.	Умеет: проводить исследования в области генетики и генетических технологий
	Владеет: владеет основными методами сбора, обработки и анализа научной информации.
ИД5 _{ПКв-6} - 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 генной инженерии на окружающую среду и человека
	Умеет: оценивать воздействие генной инженерии на окружающую среду и человека
	Владеет: методами прогнозирования последствий применения генной инженерии и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды

2 Паспорт оценочных материалов по дисциплине

№ п/п	Разделы дисциплины	Индекс контролируемой компетенции (или ее части)	Оценочные средства		Технология/процедура оценивания (способ контроля)
			наименование	№№ заданий	
1	Стратегия молекулярного клонирования.	ИД2 _{ПКв-6} ИД3 _{ПКв-6} ИД4 _{ПКв-6} ИД5 _{ПКв-6}	Тест	1-4	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (вопросы для зачета)	16-23	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (задания для лабораторной и практической работы)		Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание		Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
	Методы генной инженерии	ИД2 _{ПКв-6} ИД3 _{ПКв-6} ИД4 _{ПКв-6} ИД5 _{ПКв-6}	Тест	5-10	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (вопросы для зачета)	24-31	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (задания		Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно;

			для лабораторной и практической работы)		60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание		Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
	Генная инженерия человека, растений и животных	ИД2 _{ПКв-6} ИД3 _{ПКв-6} ИД4 _{ПКв-6} ИД5 _{ПКв-6}	Тест	11-15	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
Собеседование (вопросы для зачета)			32-40	Процентная шкала.0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.	
Собеседование (задания для лабораторной и практической работы)				Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.	
Домашнее задание				Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»	

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 бально-рейтинговая система оценки сформированности компетенций студента.

Бально-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, практических занятиях, тестовые задания в виде решения контрольных работ на практических работах и самостоятельно (домашняя контрольная работа) и сдачи курсовой работы по предложенной преподавателем теме. 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 бально-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 (экзамена). Зачет проводится в виде тестового задания.

Каждый вариант теста включает 15 контрольных заданий, из них:

- 5 контрольных заданий на проверку знаний;
- 5 контрольных заданий на проверку умений;
- 5 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)

3.1.1 ПКв-6 –Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий

№ задания	Тестовое задание с вариантами ответов и правильными ответами
1.	Цели геномной инженерии: а. Преодоление межвидовых барьеров; б. Передача отдельных наследственных признаков одних организмов другим; в. Способность нарабатывать «человеческие» белки; г. Всё верно
2.	Совокупность методов, позволяющих путем операций <i>in vitro</i> переносить информацию из одного организма в другой – это: а. Хромосомная инженерия; б. Генная инженерия; в. Клеточная инженерия; г. Гетерозис
3.	Фосфорсодержащие биополимеры живых организмов, обеспечивающие хранение и передачу наследственной информации: а) нуклеиновые кислоты б) порфирины в) белки

	г) гамма-глобулины
4.	Нуклеиновые кислоты были открыты в середине 60-х гг. 19 века: а) голландцем Гуго де Фризом б) швейцарским ученым Ф. Мишером. в) английским ученым Ч. Дарвином г) американским биологом Джеймсом Уотсоном
5.	Введение рекомбинантных плазмид в бактериальные клетки – это: а) лигирование; б) скрининг; в) трансформация; г) рестрикция.
6.	Отбор клонов трансформированных бактерий, содержащих плазмиды, несущие нужный ген человека: а) лигирование; б) скрининг; в) трансформация; г) рестрикция.
7.	Рестрикция – это: а. Отбор клонов трансформированных бактерий, содержащих плазмиды, несущие нужный ген человека; б. Введение бактериальных плазмид в бактериальную клетку; в. Разрезание молекул ДНК ферментом рестрикционной эндонуклеазой; г. Включение фрагментов ДНК человека в плазмиды и сшивание «липких» концов
8.	Лигирование – это: а. Отбор клонов трансформированных бактерий, содержащих плазмиды, несущий нужный ген человека; б. Введение рекомбинантных плазмид в бактериальную клетку; в. Разрезание ДНК человека и плазмиды ферментом рестрикционной эндонуклеазой; г. Включение фрагментов ДНК человека в плазмиды и сшивание «липких» концов.
9.	При трансформации скорость роста клеток: а) не изменяется б) увеличивается в) уменьшается
10.	Плаزمида – это: а. и-РНК бактерий; б. к-ДНК ; в. Двухцепочечная кольцевая ДНК; г. Рестриктаза
11.	Культуры клеток и тканей лекарственных растений впервые получены: а) в начале XX века; б) в середине XX века; в) в конце XX века.
12.	Оптимальные условия культивирования изолированных тканей и клеток растений: а) t=10-15°C, относительная влажность воздуха 30-40%; б) t=25-27°C, влажность 60-70%; в) t=35-40°C, влажность 80-90%.
13.	В качестве «твердых» носителей для каллусных культур используют: а) гели коллагена; б) гели желатина; в) гели агар-агара; г) все вышеперечисленное.
14.	Протопласты – это: а) каллусная культура; б) клеточная суспензия в жидкой питательной среде; в) клетки, лишённые оболочек; г) зародыши.
15.	Гибриды, образованные при слиянии протопластов разных материнских клеток, называются: а) гомокарионы; б) гетерокарионы; в) зиготы; д) мутанты;

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)

3.2.1. ПКв-6 –Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий

Номер вопроса	Текст вопроса
16.	<p>Что такое генетическая инженерия? <i>Генетическая инженерия – это конструирование in vitro функционально активных генетических структур (рекомбинантных ДНК) и наследственно измененных организмов. Генную инженерию используют для изучения структуры, функций и регуляции генов, также для изучения структуры хромосом. Датой возникновения генной инженерии считается 1972 год, когда в США ученый П. Берг с сотрудниками создали первую рекомбинантную молекулу ДНК, состоящую из фрагмента ДНК обезьяньего вируса SV-40 и бактериофага с галактозным опероном E. coli.</i></p>
17.	<p>Области применения генной инженерии. Способы получения генов Области применения генной инженерии на современном этапе. - получение генноинженерных вакцин; - получение искусственных белков с заданными свойствами; - получение гормонов, ферментов; - диагностика и лечение заболеваний. Способы получения генов: 1) выделение генов из ДНК; 2) химико-ферментативный синтез; 3) ферментативный синтез.</p>
18.	<p>Рестриктазы и их значение <i>Рестриктирующие эндонуклеазы (рестриктазы) – это ферменты, способные разрезать молекулу ДНК в строго определенных местах с образованием липких концов. Рестриктазы были открыты в 1968 году. Например, рестриктаза E. coli под названием EcoRI узнает последовательность и разрезает ее на участках между Г и АА в последовательностях Г ААТТЦ и Ц ТТААГ --. В результате, кольцевая молекула ДНК станет линейной. По краям молекулы образуются липкие концы, с одной стороны ААТТ, с другой – ТТАА. При наличии липких концов, молекула ДНК может опять замкнуться в кольцо. Рестриктазы могут узнавать различные последовательности нуклеотидов.</i></p>
19.	<p>Векторы и их использование для переноса генетического материала Вектор – это молекулы ДНК, которые способны переносить чужеродные гены и обеспечивать их репликацию в клетке – хозяине. Типы векторов: 1) векторы для клонирования; 2) экспрессионные векторы; 3) векторы для трансформации. Общие свойства вектора: 1) иметь свойство репликаона. 2) содержать сайты рестрикции, т.е. участки узнавания для рестриктаз. При этом места разрезания и введения другой ДНК не должны влиять на репликацию вектора. 3) иметь один или несколько маркирующих генов, по которым его можно обнаружить. 4) содержать специфические для данной клетки промоторы и терминаторы транскрипции. Методы введения генов в бактериальные клетки: 1) трансформация;</p>

	<p>2) трансфекция; 3) трансдукция.</p>
20.	<p>Метод электрофорезного анализа ДНК в агаровом геле Принцип метода: 1) ДНК обрабатывают рестриктазами и помещают в лунки застывшего агарового геля, который затем помещается в камеру для электрофореза. 2) под действием электрического поля фрагменты ДНК начинают перемещаться в геле, скорость их перемещения зависит от длины фрагмента. Короткие фрагменты движутся быстрее, при этом цепочки ДНК различной длины отделяются друг от друга, но не повреждаются. 3) после электрофореза гель окрашивают красителем этидиум бромидом, который связывается с ДНК. 4) гель помещают под ультрафиолетовый свет и на нем хорошо видны окрашенные в красный цвет светящиеся фракции ДНК. В результате электрофорез позволяет разделить, а затем извлечь любые фрагменты ДНК в чистом виде.</p>
21.	<p>Ферментативный способ получения рекомбинантной ДНК Система для ферментативного синтеза генов представляет собой раствор, в котором содержатся все 4 нуклеотида, ионы магния, фермент обратная транскриптаза и матричная РНК, на которой будет синтезироваться ДНК. Для конструирования рекомбинантной ДНК необходим ряд ферментов: 1) рестриксонные эндонуклеазы – находят и разрезают молекулы ДНК в сайтах с определенными последовательностями, которые узнает только определенная ре-стриктаза; 2) обратная транскриптаза (ревертаза), которая осуществляет синтез ДНК на матрице РНК; 3) ДНК – полимеразы – катализируют синтез ДНК на матрице ДНК; 4) ДНК – лигаза – склеивает молекулы ДНК, образуя связи между дезоксирибофосфатами нуклеотидов; 5) терминальная трансфераза – досинтезирует к концам двойной спирали ДНК пуриновые или пиримидиновые нуклеотиды; 6) эндонуклеаза фага – отщепляет однонитчатые концы 3 - конца двойной спирали ДНК; 7) нуклеаза – сокращает двойную спираль ДНК с обоих концов. Полученный ген не содержит интронов, промоторов и других элементов, регулирующих генную активность. Такие гены подключаются к промоторам прокариот и экспрессируются в прокариотах. Для введения рекомбинантной ДНК в клетку, клетка должна быть компетентной, компетентности можно добиться при использовании $CaCl_2$ и теплового удара. Для облегчения проникновения ДНК в клетку бактерий, их обрабатывают лизоцимом, который гидролизует мукопептиды, входящие в состав клеточной стенки бактерий. Клетки эукариот обрабатывают ферментами, которые разрушают полисахариды оболочки. Также для облегчения проникновения ДНК в клетку эукариот, используют диэтиламиноэтилдекстран и полиэтиленгликоль. Клетки дрожжей обрабатывают солями лития или электроимпульсами.</p>
22.	<p>Полимеразная цепная реакция Полимеразная цепная реакция – современный метод молекулярной биологии. Этот метод разработан Кэри Мюллисом (Нобелевская премия в 1993 году). Использование ПЦР позволяет амплифицировать (размножить) ДНК или ее фрагменты in vitro, увеличивая число копий в миллионы раз за несколько часов. Полимеразная цепная реакция протекает в 3 стадии: 1. Денатурация. Смесь, в которой содержится ДНК, нагревают до t_0 900 С. В течение 15 секунд происходит разрушение слабых водородных связей между нитями ДНК и образуется 2 одноцепочечных ДНК из одной двухцепочечной. 2. Гибридизация праймеров. Температуру снижают до 500 С. При этом происходит гибридизация цепей ДНК с праймерами в течение 30 секунд. 3. Полимеризация. Смесь с ДНК нагревают до температуры 700 С. При этом Таq - полимеразы удлиняют оба праймера с их 3'-концов. Праймеры достают до размеров матрицы. Процесс протекает 90 секунд и в результате количество ДНК удваивается. Фермент Таq -полимераза был выделен из термофильных бактерий и отличается устойчивостью к высоким температурам. За 20 циклов</p>

	<p>амплифика-ции количество копий ДНК возрастает в 106 раз. ПЦР- реакция происходит в специальном приборе-амплификаторе.</p> <p>Этот метод позволяет получать точные данные по структуре генов и фрагментов ДНК при наличии минимального количества материала, используется для диагностики наследственных болезней человека, при дактилоскопии и идентификации индивидуумов, для направленного получения мутаций.</p>
23.	<p>Саузерн-блоттинг. Суть метода</p> <p>В 1975 году был разработан метод, который позволяет идентифицировать конкретные гены и другие рестрикционные фрагменты ДНК после их электрофоретического разделения. Суть метода заключается в том, что сначала фрагменты ДНК, разделенные в агарозном геле, денатурируются до одноцепочечных молекул, а затем весь электрофоретический спектр ДНК отпечатывается (blotting) за счет капиллярных сил на приложенной к гелю нитроцеллюлозной мембране (пленке), после чего фиксируется при помощи высокой температуры). Далее мембрана помещается в гибридизационный буфер, содержащий специальный радиоактивно меченый ДНКовый зонд – короткую специфическую последовательность ДНК. Зонд способен гибридизоваться с определенным комплементарным фрагментом ДНК и свяжется только с одной или несколькими конкретными фракциями из всего электрофоретического спектра полученных рестрикционных фрагментов ДНК. На последнем этапе к нитроцеллюлозной мембране, содержащей весь спектр полученных фрагментов ДНК, включая фракции, гибридизовавшиеся с радиоактивно меченым зондом, прикладывают рентгеновскую пленку. На пленке (авторадиограмме) после экспозиции выявляются засвеченные места, соответствующие расположению меченых фракций ДНК. Этот метод получил название Саузерн-блот гибридизации в честь разработавшего его Эдварда Саузерна.</p>
24.	<p>Векторы на основе бактериальных плазмид</p> <p>Для доставки чужеродных генов в различные организмы учёные стали применять специальные устройства, так называемые вектора. Вектор – это молекула ДНК, способная самостоятельно реплицироваться в клетках различных организмов и обеспечивать размножение (клонирование) и работу (экспрессию) встроенного в неё искусственно какого-либо гена. Идеальными векторными молекулами, созданными самой природой, оказались плазмиды, представляющие собой небольшие кольцевые молекулы ДНК, самостоятельно живущие в цитоплазме бактерий. Плазмиды способны к автономной репликации, обладают генами устойчивости к различным антибиотикам, что позволяет легко обнаружить их присутствие в клетках, плазмиды могут внедряться в хромосому клетки хозяина, а также имеют участки ДНК (сайты рестрикции) для действия ряда рестриктаз. Это означает, что каждая такая рестриктаза может разрезать кольцо плазмидной ДНК и переводить её в линейное состояние. После чего линейную плазмиду можно легко соединить с фрагментом ДНК другого вида с подходящими липкими концами. Первым успешным вектором-повозкой, который начали использовать в генной инженерии, стала кольцевая плаزمида pSC101. Она несет только один участок расщепления (сайт рестрикции) рестриктазой EcoR1 и превращается под действием этого фермента из кольцевой в линейную молекулу, концы которой могут «слипаться» между собой или с любыми фрагментами другой ДНК, полученными под действием той же рестриктазы. Кроме того, она несет ген устойчивости к антибиотику тетрациклину, а значит легко обнаруживается в бактериях, если их растить на среде с этим антибиотиком. Все эти свойства pSC101 и были использованы для создания и клонирования первых гибридных (рекомбинантных) ДНК, которые были бы функционально активными, то есть могли бы стабильно существовать в клетке и наделять (трансформировать) ее новыми признаками. По мере развития методов генной инженерии совершенствовались и плазмидные вектора. Широкое распространение получила плазмида pBR322. У нее больше участков, разрезаемых различными рестриктазами, следовательно, с ней можно «сшивать» самые разные фрагменты ДНК. Более того, у pBR322 не один, а два маркера для селекции на бактериальных средах: помимо тетрациклина эта плазмиды кодирует еще устойчивость к ампициллину. Если один из этих генов (например, ген устойчивости к тетрациклину) разрезать определенной</p>

	<p>рестриктазой, то при встраивании в это место фрагмента чужеродной ДНК целостность гена нарушается и определяемый им признак исчезает. Это позволяет легко отбирать гибридные плазмиды, специальным образом введенные в бактериальные клетки кишечной палочки <i>E. coli</i> при помещении их на твердую питательную среду с антибиотиками</p>
25.	<p>Бело-голубая селекция</p> <p>Многие годы успешно применяются плазмиды, относящиеся к типу <i>pUC</i>. У этой плазмиды величиной 2,7 кб селекционным маркером является ген резистентности к ампициллину (<i>amp^r</i>). Кроме того, имеется крайне интересный ген <i>lacZ</i>, в котором расположен полилинкер или участок множественного клонирования длиной около 200 н.п., содержащий 10 сайтов рестрикции. В результате инсерции (вставки) чужеродной ДНК в полилинкер нарушается работа гена <i>lacZ</i> в плазмиде. Колонии бактерий содержащие нормальный и поврежденный вставкой гены легко различаются если поместить клетки в чашки Петри на среду содержащую субстрат X-Gal, который расщепляется ферментом бета-галактозидазой (продукт гена <i>lacZ</i>), с образованием нерастворимого осадка сине-голубого цвета. Если образовались колонии, окрашенные в синий цвет, значит, в этих бактериальных клетках плазмиды не содержат вставки чужеродной ДНК. В тоже время бактериальные клетки, которые содержат плазмиды со встроенной ДНК, образуют неокрашенные колонии. Следовательно, достаточно лишь взглянуть на трансформированные бактериальные клетки и можно с уверенностью сказать успешно ли прошло клонирование вставленной в плазмиду <i>pUC18</i> чужеродной ДНК или нет. Поэтому гены подобные <i>lacZ</i> получили название репортерных.</p>
26.	<p>Фаговые вектора</p> <p>Большие фрагменты хромосомной ДНК (размером около 15 кб) нестабильные в составе плазмид становятся весьма стабильными при встраивании их в специально сконструированные штаммы фага λ. ДНК этого фага сравнительно невелика, гены его хорошо изучены и размножается он в бактериальных клетках очень интенсивно. При получении λ векторов используется то обстоятельство, что вся центральная часть молекулы ДНК фага λ не нужна для репликации в <i>E. coli</i>, а функционирует только при интеграции фаговой ДНК в бактериальную хромосому (в состоянии лизогении). Были сконструированы специальные штаммы λ, в ДНК которых сайты для <i>EcoR1</i> расположены таким образом, что правый и левый концевые фрагменты фаговой ДНК, необходимые для репликации остаются нетронутыми. После расщепления с помощью <i>EcoR1</i> эти концевые фрагменты благодаря их сравнительно большому размеру легко отделить от всех остальных <i>EcoR1</i>-фрагментов и использовать затем для получения новых λ-подобных фагов, каждый из которых содержит левый и правый концевые фрагменты, а также вставку чужеродной ДНК размером около 15 кб. Удобным оказалось то обстоятельство, что для созревания фага λ его ДНК должна иметь длину около 45 кб, благодаря чему при конструировании химерных ДНК <i>in vitro</i> для последующего размножения отбираются только те из них, которые содержат оба конца фаговой ДНК и вставку чужеродной ДНК подходящего размера, т.е. около 15 кб.</p>
27.	<p>Космидные вектора</p> <p>Многие гены эукариот оказались длиннее 15 кб, а некоторые достигают 35-40 кб. Кроме того, клонирование в фаге λ обычно не позволяет выделить два соседних гена в виде единой молекулы рекомбинантной ДНК. Поэтому клонирование значительно более длинных фрагментов ДНК в <i>E. coli</i> проводится в космидах. Космиды - это искусственные конструкции, созданные на основе плазмид и фага λ. Космида имеет последовательность <i>ori</i>, позволяющую ей реплицироваться в <i>E. coli</i>, селекционный маркер <i>amp^r</i>, полилинкер (сайт множественного клонирования) и так называемые <i>cos</i>-сайты встроенные из фага λ. <i>Cos</i>-сайты представляют из себя расположенные на обоих концах молекулы ДНК фага λ комплементарные одноцепочечные участки величиной 12 нуклеотидов, благодаря которым линейная форма фага соединяясь со своим соседом через <i>cos</i>-сайт образует длинную цепь из сотен фаговых ДНК или конкатамер. Ферменты, катализирующие упаковку фаговой ДНК узнают в конкатамере два <i>cos</i>-сайта находящихся на расстоянии 35-45 кб выщепляют расположенную между ними ДНК и упаковывают её в головку фага. Поэтому, когда в относительно небольшую космиду, несущую <i>cos</i>-сайты, встраивается</p>

	<p>чужеродная ДНК размером 35-45 кб, молекула достигает необходимой длины что бы упаковаться в фаговую частицу. Затем полученные фаги, несущие вставленную чужеродную ДНК вводятся в клетки <i>E. coli</i> для последующего размножения (клонирования).</p>
28.	<p>Генные библиотеки</p> <p>На следующем этапе развития генной инженерии учёные начали включать в векторы все гены различных организмов. Иными словами они начали создавать генные банки или генные библиотеки. Генные инженеры, раздробив с помощью определённой рестриктазы (техника «дробовика») суммарную ДНК конкретного организма на фрагменты, добавляют к ним вектор, обработанный той же рестриктазой, и всю эту смесь используют для трансформации бактерий. Обычно в каждую рекомбинантную клетку имеет шанс попасть одна молекула ДНК, представляющая собой гибрид вектора и какого-нибудь одного из многих фрагментов присутствовавших в смеси. Клетка, получившая гибридную ДНК, размножившись, образует клон. Набор клонов бактерий содержащих различные рекомбинантные молекулы, включившие все возможные фрагменты ДНК определённого организма и составляют геномную библиотеку (банк генов). Техника «дробовика» позволила получить набор клонов бактерий или гибридных фагов различающихся по включённым фрагментам ДНК. Уже в 1974 г. Д. Хогнес с сотрудниками создали геномную библиотеку дрожжей в клетках <i>E. coli</i>. Через два года американцы Л. Кларк и Д. Карбон стали владельцами библиотеки всех генов самой бактерии <i>E. coli</i>. Вслед за этим были получены геномные библиотеки ряда других организмов, включая человека.</p>
29.	<p>ДНК-зонды</p> <p>кДНК-зонды представляют собой радиоактивно меченную ДНК характерную для конкретного гена. Но сначала учёные научились выделять в достаточных количествах мРНК отдельных генов. Дело в том, что практически все мРНК эукариот на своих 3' концах содержат последовательность poly(A). Эта поли(A) последовательность предоставляет прекрасную возможность для синтеза ДНК комплементарной мРНК. Если смешать с мРНК короткие oligo(dT), они будут гибридизоваться с poly(A) и послужат затравками для работы фермента обратная транскриптаза. Этот интересный фермент открыт Теминим и Балтимором использует РНК как матрицу для синтеза комплементарной цепи ДНК или кДНК (сDNA). Необходимо отметить, что она соответствует только структурной части гена, которая кодирует его белковый продукт, а регуляторные части гена в кДНК не представлены. Полученная с помощью обратной транскриптазы двухцепочечная молекула кДНК встраивается затем в плазмиду либо с помощью «хвостов» достроенных концевой трансферазой, либо путём пришивания к концам кДНК искусственных сайтов рестрикции. Эти сайты, так называемые линкеры представляют собой последовательности, состоящие из 8-10 нуклеотидных пар химически синтезированных олигонуклеотидов. Линкеры пришивают к двухцепочечной кДНК с помощью ДНК-лигазы, а затем расщепляют их рестриктазой, и кДНК, содержащую теперь липкие концы встраивают в плазмиду разрезанную той же рестриктазой. Затем, полученную рекомбинантную плазмиду, содержащую кДНК вводят в клетки соответствующего штамма <i>E. coli</i>, где она размножается.</p>
30.	<p>Фингерпринтинг ДНК</p> <p>В геноме каждого человека имеется так называемая минисателлитная ДНК. В основе её строения лежит строгая последовательность состоящая из 13 нуклеотидов. Цепочка одной минисателлитной ДНК может насчитывать таких повторяющихся последовательностей от одной до нескольких тысяч. У людей имеется два и более десятков минисателлитных цепочек расположенных на разных хромосомах. В совокупности они образуют набор минисателлитных ДНК различающихся по длине. Было обнаружено, что для каждого человека характерен свой, присущий только ему вариант набора таких тандемно повторяющихся последовательностей отличающихся по длине, то есть по числу отдельных звеньев. Иными словами ситуация оказалась сходной с отпечатками пальцев человека у каждого имеется собственная минисателлитная ДНК. Поэтому и метод анализа фрагментов минисателлитной ДНК получил название генной дактилоскопии (фингерпринт ДНК). Сначала из каких либо клеток выделяют ДНК и с помощью рестриктаз разрезают её на фрагменты разной длины. Среди фрагментов естественно</p>

	<p>будут те, которые содержат переменные минисателлиты. Далее проводится стандартный Саузерн-блот анализ. Все полученные фрагменты подвергаются электрофорезу в геле и фракции содержащие минисателлитную ДНК выявляются с помощью специального меченого зонда комплементарного к звену из 13 повторяющихся нуклеотидов. Так как зонд радиоактивен, то он засвечивает рентгеновскую плёнку только в определённых местах, давая картину из нескольких десятков чередующихся темных фракций, соответствующих отдельным минисателлитам.</p>
31.	<p>Секвенирование ДНК</p> <p>Метод секвенирования ДНК по Максому-Гилберту заключается в следующем. Один из концов фрагмента ДНК, последовательность которого нужно прочитать (секвенировать) метят с помощью 32Р. Препарат меченой ДНК делят на четыре порции и каждую из них обрабатывают реагентом, специфически разрушающим одно из четырех оснований ДНК. Условия реакции подбирают таким образом, чтобы на каждую молекулу ДНК приходилось лишь несколько повреждений. Когда эти поврежденные молекулы обрабатывают пиперидином, в ДНК образуется разрыв в том месте, где находилось разрушенное основание. В результате получается набор меченых фрагментов, длины которых определяются расстоянием от разрушенного основания до конца молекулы. Наборы меченых фрагментов, образующихся при каждой из четырех реакций подвергают электрофорезу в соседних дорожках полиакриламидного геля, при этом происходит разделение фрагментов ДНК в соответствии с их размерами. Затем проводят радиоавтографию геля. Набор полос, регистрируемых на рентгеновской плёнке, «читают», определяя таким образом нуклеотидную последовательность ДНК. Для анализа последовательностей ДНК широко используется также метод Сэнгера основанный на использовании дидезокси нуклеотидов. В последние годы вместо радиоактивных меток при анализе последовательностей ДНК используются флюорисцентное окрашивание. Флюорисцентные красители разного цвета применяются для каждого из четырех нуклеотидов и четыре смеси электрофорезируются вместе. Флюорисцентный анализ позволяет определять последовательность ДНК автоматически, что даёт возможность прочитывать более 1000 нуклеотидных пар за одну операцию.</p>
32.	<p>Векторные системы на основе T1-плазмид</p> <p>T1-плазмиды агробактерий имеют очень большой размер, не содержат в районе T-ДНК уникальных участков гидролиза рестриктазами и не реплицируются в E. coli. Прямое встраивание целевого гена в T-ДНК сегмент в составе T1-плазмиды практически невозможно. Разработаны два подхода к созданию T-ДНК векторов на основе T1-плазмид. В первом случае, T-ДНК фрагмент с уникальным участком гидролиза какой-либо рестриктазой клонируют в составе плазмидного вектора, содержащего бактериальный селективный маркерный ген, в клетках E. coli. По уникальному сайту рестрикции встраивают целевой ген, предназначенный для интеграции в геном растения. В данный промежуточный вектор между границами T-ДНК встраивают также селективный маркерный ген для работы с растительными клетками (не нарушая целевой ген). Полученный рекомбинантный промежуточный вектор путем конъюгации или трансформации вводят в клетки A. tumefaciens, содержащие T1-плазмиду, в составе которой есть участки, гомологичные по последовательности нуклеотидов участкам промежуточного вектора (в качестве таких участков используют второй бактериальный ген устойчивости к другому антибиотику). Затем проводят отбор клонов агробактерий на селективной среде в присутствии антибиотика, ген устойчивости к которому входил в состав рекомбинантного промежуточного вектора. Данный промежуточный вектор не способен реплицироваться в клетках агробактерий, поэтому отобранные клоны A. tumefaciens содержат коинтеграаты T1-плазмиды с промежуточным вектором, образовавшиеся в ходе рекомбинации по областям гомологии. Целевые гены переносятся затем в растительные клетки в составе рекомбинантной T-ДНК. Сходный подход используется при создании коинтегративных векторов с применением Cre/loxP системы сайт-специфической рекомбинации фага P1. Данные коинтегративные векторные системы вследствие сложности анализа, получаемых in vivo рекомбинантных T1-плазмид не нашли широкого применения.</p> <p>Второй подход к созданию векторных систем для трансформации растений</p>

	<p>основан на том, что Т-ДНК, фланкированная правым и левым концевыми повторами, и гены вирулентности <i>vir</i> могут находиться в агробактерии на двух разных совместимых плазидах (в транс-положении), и при этом эффективность переноса Т-ДНК в растительные клетки не нарушается. В этом случае рекомбинантную неонкогенную (не содержащую генов ферментов синтеза фитогормонов и опинов) Т-ДНК, в составе которой экспрессионные кассеты целевого и селективного маркерного генов окружены концевыми повторами <i>RB</i> и <i>LB</i>, конструируют и клонируют в клетках <i>E. coli</i> в составе небольших плазмидных векторов с широким кругом хозяев, что позволяет манипулировать данными векторами в клетках <i>E. coli</i> и <i>A. tumefaciens</i>. Затем полученный Т-ДНК-вектор вводят в клетки <i>A. tumefaciens</i>, несущие <i>Ti</i>-плазмиду с делецией всей Т-ДНК или ее части. Такая <i>Ti</i>-плазида, содержащая гены вирулентности <i>vir</i>, обеспечивает все функции переноса рекомбинантной Т-ДНК, но собственной Т-ДНК не содержит и потому называется «обезоруженной». Штаммы <i>A. tumefaciens</i>, несущие <i>Ti</i>-плазмиды с делециями Т-ДНК, также называются «обезоруженными». Совместимые Т-ДНК вектор и «обезоруженная» <i>Ti</i>-плазида составляют бинарную векторную систему: плазмиду, содержащую рекомбинантную Т-ДНК, называют бинарным вектором, а «обезоруженную» <i>Ti</i>-плазмиду, несущую гены <i>vir</i>, — помощником (хелпером). Бинарные Т-ДНК-векторы более просты и эффективны, поэтому большинство генно-инженерных экспериментов на растениях выполнено с использованием бинарных векторных систем.</p>
33.	<p>Перенос генов в растения с помощью вирусов Подавляющее большинство вирусов растений являются РНК-содержащими вирусами, геном которых представлен одноцепочечной молекулой РНК, реплицирующейся в цитоплазме клетки-хозяина. Вирусная геномная РНК накапливается в растительных клетках до высоких концентраций, что открывает возможность конструировать на основе вирусных геномов многокопийные экспрессирующие векторы. При этом встраивание целевых генов в вирусный геном осуществляют на клонированных в бактериальных плазидах ДНК-копиях вирусных РНК. ДНК-копию встраивают в плазмиде между промотором и терминатором транскрипции фага (например, фага T7). С помощью фаговой РНК-полимеразы синтезируют РНК-транскрипты рекомбинантных кДНК и трансфицируют ими протопласты или ткани растения. Способность вируса распространяться по всему растению, обеспечивая системное заражение растения, высокий уровень экспрессии встроенного в геном вируса целевого гена, быстрая аккумуляция значительных количества чужеродного белка и вследствие этого простота его очистки делают вирусы растений перспективными векторами для переноса генов. Вирусы растений имеют более широкий круг хозяев, чем агробактерии, что позволяет экспрессировать целевой ген в разных культурах растений с помощью одной и той же генетической конструкции вектора. Экспрессирующие векторы для синтеза чужеродных белков в клетках растений сконструированы на основе геномов вируса табачной мозаики, мозаики коровьего гороха и ряда других вирусов</p>
34.	<p>Баллистический метод (биолистика) введения трансгена в клетки растений Метод позволяет осуществлять перенос и интеграцию в геном растения значительных фрагментов ДНК (100-150 т.п.н.), используя векторы YAC и BAC. Для бомбардирования растительных клеток наиболее удобны химически инертные частицы золота диаметром 0,6-1 мкм, на которые адсорбируют молекулы ДНК в присутствии хлорида кальция и спермидина. Также можно использовать более дешевые вольфрамовые микрочастицы, но они более гетерогенны по структуре и иногда проявляют фитотоксичность]. Микрочастицами, несущими чужеродную ДНК, заряжают генную пушку, обеспечивающую ускорение частиц, которые пробивают клеточные стенки и проникают внутрь клетки, чужеродная ДНК, в конечном итоге, оказывается ядре либо в пластидах растительной клетки. Генетические конструкции, вводимые методом биологической баллистики (биолистки), могут представлять собой кольцевые или линейные векторы, либо линейные фрагменты ДНК, содержащие целевой и маркерный гены в составе экспрессионных кассет, функционирующих в растительных клетках. Плазмидные векторы для биолистической трансформации – это небольшие молекулы, несущие гены, необходимые для репликации и селекции</p>

	<p>рекомбинантных плазмид в бактериальных клетках, и множественные сайты для клонирования. Трансформация клеток линейными фрагментами, включающими трансгенные экспрессионные кассеты, называемая «чистой генной технологией», исключает возможную интеграцию векторных последовательностей в геном растений. Как только чужеродная ДНК оказывается в ядре, начинается временная экспрессия генов, включенных в ее состав. Уже через час после бомбардировки в тканях растения может быть выявлена экспрессия вводимых трансгенов.</p>
35.	<p>Электропорация</p> <p>Введение чужеродной ДНК в растительные клетки методом электропорации основано на том, что импульсы электрического поля высокого напряжения вызывают структурные перестройки липидного бислоя, что приводит к образованию пор и увеличению проницаемости мембран [94-96]. Время существования и размер пор достаточны для того, чтобы молекулы ДНК могли из внешней среды войти в клетку под действием осмотических сил. На эффективность процесса влияют: тип клеток, гетерогенность популяции клеток, величина трансмембранного потенциала, напряженность поля и продолжительность импульса, продолжительность компетентного состояния клеток, структура и концентрация переносимых молекул ДНК. Технология переноса трансгенных ДНК-конструкций методом электропорации была разработана для трансформации протопластов растительных клеток. Чужеродную ДНК можно вводить в протопласты, используя либо высоковольтный импульс малой длительности (1,5 кВ, 10 мкс), либо низковольтный импульс гораздо большей длительности (350 В, 54 мс). Метод электропорации успешно применен для стабильной трансформации различных культур растений, а также для исследования временной экспрессии трансгенов в растительных клетках. Временная экспрессия трансгенов в клетках, трансформированных методом электропорации, позволяет эффективно изучать функциональность регуляторных элементов и их отдельных участков; влияние антисмысловых РНК на экспрессию генов растения; транспорт белков в ядро и пластиды растительных клеток; исследовать экспрессию белков на разных стадиях клеточного цикла. Продукты временной экспрессии трансгенов выявляются быстро – в пределах нескольких часов после трансформации. Это позволяет на первом этапе получения трансгенных растений исследовать функциональность сконструированных рекомбинантных конструкций в ходе временной экспрессии трансгена в растительных клетках, трансформированных методом электропорации; а затем использовать более эффективные методы переноса ДНК для получения стабильных трансформантов, несущих трансгенную конструкцию, интегрированную в геном растения.</p>
36.	<p>Перенос ДНК в составе липосом и других наночастиц</p> <p>Катионные липосомы представляют собой положительно заряженные сферические структуры из липидного бислоя, несущие в своей полости молекулы рекомбинантной ДНК. Липосомы эффективно поглощаются протопластами растительных клеток в ходе эндоцитоза, обеспечивая перенос чужеродных молекул ДНК в клетки. Эффективность процесса определяется размером липосом, при этом применение липосом большего размера обеспечивает более высокую эффективность трансформации. Метод применим для введения в растительные клетки различных по структуре ДНК-векторов, в том числе векторов на основе вирусных геномов. Данный метод успешно применен для введения трансгенных конструкций в клетки риса, пшеницы, картофеля. Успешную трансформацию клеток табака УАС векторами, несущими чужеродные фрагменты ДНК большого размера, в составе липосом провели, используя для введения частиц в клетки метод биолистики. Наряду с липосомами, для доставки рекомбинантных векторов, несущих трансгенные конструкции, в растительные клетки используют углеродные нанотрубки. Физические и химические свойства углеродных нанотрубок позволяют им преодолевать мембраны, не повреждая клетки. С помощью нанотрубок получены трансформанты кукурузы, риса, пшеницы, табака и других растений. Углеродные нанотрубки могут быть также использованы для поранения растений, чтобы увеличить эффективность трансформации клеток агробактериями.</p>

37.	<p>Трансформация протопластов с помощью полиэтиленгликоля Метод разработан для введения трансгенных конструкций в протопласты растительных клеток и применим для трансформации различных культур растений, в том числе устойчивых к агробактериальной трансформации. Полиэтиленгликоль (гидрофильный длинноцепочечный полимер) стимулирует поглощение небольших векторных ДНК (4-12 т.п.н.) протопластами и обеспечивает хороший уровень трансформации при незначительном повреждении клеток. На основе трансформации растительных протопластов в присутствии полиэтиленгликоля разработана система временной экспрессии трансгена, применимая для синтеза достаточных количеств соединений медицинского назначения. Отсутствие эффективных технологий регенерации полноценных растений из протопластов ограничивает применение данного метода.</p>
38.	<p>Методы получения клонированных животных Клон – это группа генетически идентичных клеток или организмов, которые получены в результате деления одной клетки-предшественника. Клонирование. В 1952 году Р. Бриггс и Т. Кинг разработали метод пересадки ядер соматических клеток зародышей в энуклеированные яйцеклетки лягушек. В это время Бесквит Р. впервые выделил ген. Благодаря этому, стало возможным после удаления гаплоидного ядра из яйцеклетки лягушки, введение в неё диплоидного ядра соматической клетки, взятой из кишечной стенки головастика. После электростимуляции деления яйцеклетки получают нормальное развитие зародыша и потомство исходной особи. Дж. Гердон в 1962 году усовершенствовал технику пересадки ядер. Работа по клонированию ведется по трем направлениям: 1. Пересадка ядер из соматических клеток в энуклеированную яйцеклетку. 2. Получение гомозиготных диплоидных потомков. 3. Создание партеногенетических животных. Методы получения клонированных животных: 1. Пересадка ядра соматической клетки в яйцеклетку, из которой удалено собственное ядро. 2. Разделение эмбрионов крупного рогатого скота в возрасте до 7-8 дней, не имеющих дифференцированных клеток, на части (2-4) с последующей пересадкой реципиенту. В 1997 году в Великобритании методом пересадки ядра соматической клетки в энуклеированную яйцеклетку была получена овца, которую назвали Долли. Клонирование было проведено путем ядерного переноса. Реципиентная яйцеклетка одной овцы была подвергнута удалению ядра. У другой овцы, находящейся на четвертом месяце беременности, из клеток кожи вымени было выделено ядро с хромосомной ДНК, которое пересадили в реципиентную яйцеклетку без генетического материала. Было взято беременное животное потому, что в этом случае клетки вымени активно делятся. После слияния некоторые клетки начали активно делиться, после доразвивания in vitro эмбрион был имплантирован овце-реципиенту. В результате на свет появился ягненок, названный Долли, она была похожа на овцу, у которой взяли ядро для пересадки.</p>
39.	<p>Химерные животные, методы получения и перспективы использования Понятие химера (греч. Chimaera) означает составное животное. Животные – химеры несут в одном организме признаки обоих эмбрионов, отличающихся между собой разными генотипами. В животноводстве известны искусственные химеры как внутривидовые, так и межвидовые. Способы получения химер: 1. Инъекционный. Получение химерных животных путём объединения бластомеров из эмбрионов одного вида. С этой целью получают сложные химерные эмбрионы овец объединением 2-, 4-, 8-клеточных эмбрионов. Каждый сложный объединённый эмбрион состоит из равного числа бластомеров эмбрионов 2-8 родителей. Пересадку внутренней клеточной массы каждого донора (бластомеры) путём инъекции проводят внутрь бластоцисты реципиентов. 2. Агрегационный. Слияние клеточной массы двух или нескольких эмбрионов внутри одной зоны пеллюцида. Метод состоит в том, что 8-клеточные эмбрионы инкубируют в среде с протеолитическим ферментом, переваривающим оболочки яйцеклетки. Освобождённые от оболочек эмбрионы, соприкасаются между собой, в результате чего их клетки сливаются и перемешиваются.</p>

	<p><i>Получены агрегационные химерные животные после соединения половинок 5-6 дневных эмбрионов от коров-доноров швейцарской и голштинской пород крупного рогатого скота, они сочетали в своём фенотипе характерную масть двух исходных пород – бурую и чёрно-пёструю.</i></p> <p><i>Также получены химеры овцы пород рамбулье и финский ландрас.</i></p> <p><i>Примером получения межвидовых химер в животноводстве служат овцекозы, сочетающие признаки овцы и козы, которые были получены в 1994 году.</i></p> <p><i>Химерные животные не передают потомству характерную для них генетическую мозаичность, у потомков происходит расщепление, в результате чего нарушаются ценные генетические комбинации.</i></p>
40.	<p>Трансгенные животные, методы получения и перспективы использования</p> <p>Трансгенноз – это перенос генов.</p> <p>Трансгенные животные – это животные, которые получены в результате переноса в их геном чужеродных генов от других видов животных или человека.</p> <p>Гены, которые используются для переноса, выделяют из определенного генома или синтезируют искусственно.</p> <p>В мировой практике уже получены трансгенные животные, продуцирующие с молоком целый ряд лекарственных веществ:</p> <ul style="list-style-type: none"> - факторы свёртываемости крови против гемофилии; - тканевой плазменно-генный активатор, применяемый при лечении венозных тромбов и поражении лёгочной артерии; - человеческий белок С для предотвращения образования тромбов; - моноклональные антитела для лечения различных форм рака. <p>Основные направления исследований для получения трансгенных животных:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Создание новых пород с повышенным содержанием некоторых компонентов. 2. Создание животных, которые способны синтезировать несвойственные им виду белки. (Например, свиньи, которые могут продуцировать интерферон человека). 3. Создание трансгенных животных - доноров при трансплантации органов человеку. <p>Получение трансгенных животных включает следующие стадии:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Создание генной конструкции (выбор, получение и клонирование чужеродного гена). 2. Внедрение ее в геном организма путем микроинъекции гена в мужской пронуклеус, трансплантация зиготы реципиенту. 3. Селекция модифицированных организмов. <p>Методы переноса генов:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Метод микроинъекции в пронуклеус зиготы. 2. Метод использования липосом и ретровирусов в качестве векторов. 3. Метод прокалывания и высокоскоростной механической инфекции. 4. Метод использования сперматозоидов (самопроизвольное поглощение экзогенной ДНК, введение ДНК в сперматозоиды, введение в семенные каналы взрослых животных). 5. Метод использования трансформированных эмбриональных стволовых клеток. <p>Получены мыши с генами гормона роста крысы, ген вводился в виде раствора и состоял из 353 нуклеотидов, вектором была рекомбинантная плазмида. В результате был получен 21 потомок, у 7 мышей был обнаружен чужеродный ген, живая масса их была в 1,8 раза больше, чем обычных.</p> <p>Также получены трансгенные овцы, кролики, коровы и свиньи, путем введения гена гормона роста человека.</p> <p>В России создано стадо трансгенных овец с генами крупного рогатого скота, которые продуцируют с молоком химозин крупного рогатого скота. Это фермент, который применяется при производстве твердого сыра. Обычно его получали из экстракта ткани желудка новорожденных телят.</p>

Критерии и шкалы оценки:

Оценка «отлично» выставляется обучающемуся, если: он глубоко и прочно усвоил программный материал курса, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, умеет тесно увязывать теорию с практикой, свободно справляется с задачами и вопросами, причем не затрудняется с ответами при

видоизменении заданий, правильно обосновывает принятые решения, владеет разносторонними навыками и приемами выполнения практических задач.

Оценка **«хорошо»** выставляется обучающемуся, если: он твердо знает материал курса, грамотно и по существу излагает его, не допуская существенных неточностей в ответе на вопрос, правильно применяет теоретические положения при решении практических вопросов и задач, владеет необходимыми навыками и приемами их выполнения.

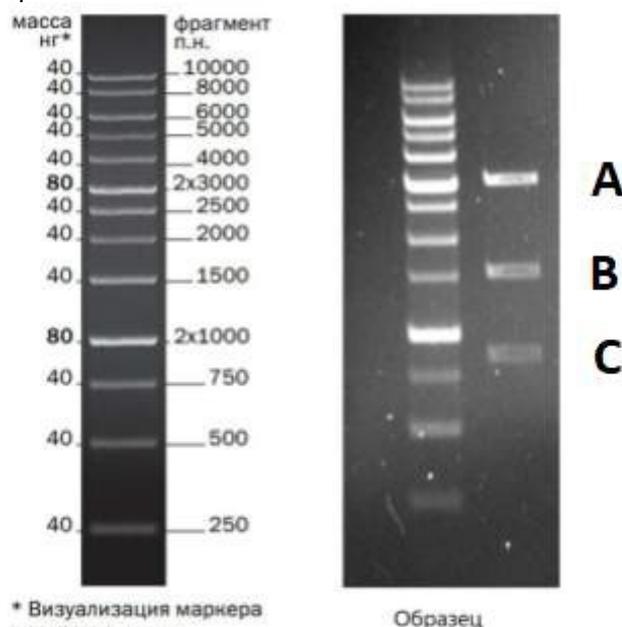
Оценка **«удовлетворительно»** выставляется обучающемуся, если: он имеет знания только основного материала, но не усвоил его деталей, допускает неточности, недостаточно правильные формулировки, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, испытывает затруднения при выполнении практических задач;

Оценка **«неудовлетворительно»** выставляется обучающемуся, если: он не знает значительной части программного материала, допускает существенные ошибки, неуверенно, с большими затруднениями решает практические задачи или не справляется с ними самостоятельно.

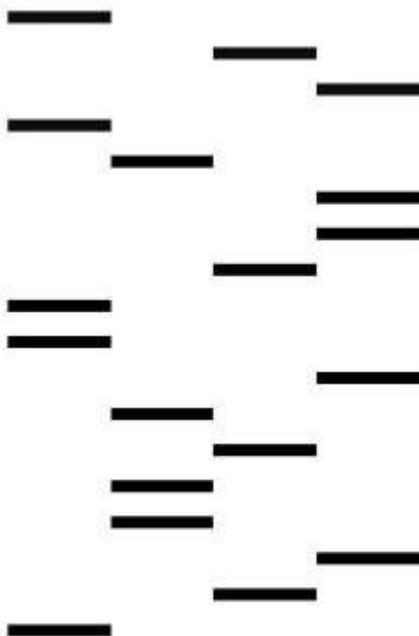
3.3 Собеседование (задания для лабораторных работ)

3.3.1 ПКв-6 –Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий

Номер вопроса	Текст вопроса
41.	<p>Лаборант-исследователь подготовил реакционную смесь для полимеразной цепной реакции (ПЦР), добавил в пробирку следующие компоненты:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Двухкратный буфер для ПЦР (с Mg²⁺) • ДНК-матрица • Прямой праймер <p>Определите, какие компоненты нужно добавить в реакционную смесь</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. дезоксигуанозинтрифосфат 2. РНК-матрица 3. РНК-зависимая ДНК-полимераза 4. дезокситимидинтрифосфат 5. дезоксиаденозинтрифосфат 6. дезоксицитидинтрифосфат 7. ДНК-зависимая РНК-полимераза 8. ДНК-зависимая ДНК-полимераза 9. обратный праймер 10. дезоксиуридинтрифосфат <p>Необходимо выбрать компоненты, которые являются субстратами ДНК-полимеразы и принимают участие в репликации ДНК. Ответ: 1, 4, 5, 6, 8.</p>
42.	<p>Для амплификации участка ДНК методом ПЦР требуется заказать прямой и обратный праймер. Последовательность праймеров принято записывать от 5'-конца к 3'-концу.</p> <p>Определите последовательность обратного праймера длиной 16 нуклеотидов, если в качестве прямого праймера был использован следующий олигонуклеотид 5'-СТСГСААСГГАААСС-3'.</p> <p>Для решения задачи следует воспользоваться интерфейсом NCBI. Ответ: GGCTGTTGСТААТАТТ.</p>
43.	<p>Используя программу SnapGene Viewer (или аналогичную), карту плазмиды pBluescript, соотнесите эндонуклеазы рестрикции (PvuII, BstBAI, RsaI, EcoICRI, SspI) и фрагменты, которые будут получены при их действии на данную плазмиду.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. PvuII + BstBAI 2. RsaI + EcoICRI 3. SspI + RsaI 4. PvuII + SspI 5. EcoICRI + BstBAI <p>а. 130 + 448 + 510 + 1873</p>

	<p>б. 302 + 448 + 2211 в. 530 + 2431 г. 130 + 324 + 636 + 1871 д. 102 + 1090 + 1769</p> <p>Следует определить сайты рестрикции, длины фрагментов ДНК, получающихся в результате рестрикции, соотнести длины фрагментов и комбинации рестриктаз. Ответ: 1 - б, 2 - д, 3 - г, 4 - а, 5 - в.</p>																												
44.	<p>В результате разрезания плазмиды рBR322 (длина 4361 п.н.) рестриктазой AccBSII образовались два фрагмента длиной 2560 п.н. и 1801 п.н. Определите массу фрагмента длиной 1801 п.н., если известно, что масса исходной плазмиды составляла 1000 нг. Следует соотнести длину фрагмента и массу исходной плазмиды. Ответ: 413.</p>																												
45.	<p>На иллюстрации приведена фотография геля, на который был нанесен маркер ДНК (слева) и образец ДНК (справа), и расшифровка длин ДНК фрагментов маркера.</p>  <p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>масса нг*</th> <th>фрагмент п.н.</th> </tr> </thead> <tbody> <tr><td>40</td><td>10000</td></tr> <tr><td>40</td><td>8000</td></tr> <tr><td>40</td><td>6000</td></tr> <tr><td>40</td><td>5000</td></tr> <tr><td>40</td><td>4000</td></tr> <tr><td>80</td><td>2x3000</td></tr> <tr><td>40</td><td>2500</td></tr> <tr><td>40</td><td>2000</td></tr> <tr><td>40</td><td>1500</td></tr> <tr><td>80</td><td>2x1000</td></tr> <tr><td>40</td><td>750</td></tr> <tr><td>40</td><td>500</td></tr> <tr><td>40</td><td>250</td></tr> </tbody> </table> </p> <p>* Визуализация маркера 1 kb DNA Ladder</p> <p>Образец</p> <p>А В С</p> <p>Необходимо определить примерную длину каждого из трех фрагментов ДНК. Соотнесите фрагменты и их длину в п. н.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Фрагмент С 2. Фрагмент В 3. Фрагмент А <ol style="list-style-type: none"> а. 3000-4000 п.н. б. 750-1000 п.н. в. 1500-2000 п.н. <p>Следует соотнести длины полученных фрагментов ДНК и длины фрагментов ДНК маркера. Ответ: 1 - б, 2 - в, 3 - а.</p>	масса нг*	фрагмент п.н.	40	10000	40	8000	40	6000	40	5000	40	4000	80	2x3000	40	2500	40	2000	40	1500	80	2x1000	40	750	40	500	40	250
масса нг*	фрагмент п.н.																												
40	10000																												
40	8000																												
40	6000																												
40	5000																												
40	4000																												
80	2x3000																												
40	2500																												
40	2000																												
40	1500																												
80	2x1000																												
40	750																												
40	500																												
40	250																												
46.	<p>Прочитать "результаты" гель-электрофореза и определить последовательность нуклеотидов в анализируемом образце ДНК. Ответ привести в виде последовательности нуклеотидов, в направлении от 5'- к 3'-концу, латинскими буквами, без обозначений 3', 5', пробелов, например: ТАТТСТА</p>																												

ddATP ddTTP ddGTP ddCTP



Следует прочитать последовательность, начиная с нижней части геля (на рисунке).

Ответ: AGCTTGTCAAGCCTACGA.

47.

Используя программу SnapGene Viewer (или аналогичную), карту плазмиды pBluescript, соотнесите длины фрагментов плазмидной ДНК, которые будут получены при действии рестриктаз Acc16I, BstBAI, HindII, PvuII, SspI и ZrmI с пробирками, которые содержат реакционные смеси с разными рестриктазами.

1. Acc16I + HindII
2. HindII + SspI
3. SspI + ZrmI
4. ZrmI + PvuII
5. PvuII + BstBAI
6. BstBAI + Acc16I
- а. 302, 448, 2211
- б. 448, 964, 1549
- в. 197, 1172, 1592
- г. 130, 324, 2507
- д. 130, 657, 2174
- е. 252, 920, 1789

Следует определить сайты рестрикции, длины фрагментов ДНК, получающихся в результате рестрикции, соотнести длины фрагментов и комбинации рестриктаз.

Ответ: 1 - в, 2 - д, 3 - з, 4 - б, 5 - а, 6 - е.

48.

В результате разрезания плазмиды pBR322 рестриктазами HindII и BstBAI образовалось несколько фрагментов. Определите массу самого длинного фрагмента плазмиды pBR322, образовавшегося после гидролиза рестриктазами HindII и BstBAI, если известно, что масса исходной плазмиды составляла 2019 нг.

Следует определить сайты рестрикции, длины фрагментов ДНК, получающихся в результате рестрикции, соотнести длину фрагмента и массу исходной плазмиды.

Ответ: 778.

49.

Фрагмент цепи ДНК имеет последовательность нуклеотидов: ТГГАГТГАГТТА. Определите последовательность нуклеотидов на иРНК, антикодоны тРНК и аминокислотную последовательность фрагмента молекулы белка.

На участке ДНК по принципу комплементарности (А-У, Г-Ц) построим иРНК, затем по цепи иРНК построим тРНК по принципу комплементарности (А-У, Г-Ц) антикодоны т-РНК друг от друга отделяют точкой с запятой

ДНК Т- Г- Г- А- Г- Т- Г- А- Г- Т- Т- А

иРНК А-Ц-Ц-У- Ц- А- Ц- У- Ц- А- А- У

	<p><i>mРНК У- Г- Г; А -Г- У; Г-А- Г; У- У-А</i> <i>иРНК разделим на триплеты и по таблице генетического кода определим аминокислотную последовательность белка:</i> <i>А-Ц-Ц тре, У-Ц-А сер, Ц-У-Ц лей, А- А-У асн.</i> <i>Ответ : иРНК А-Ц- Ц-У- Ц- А-Ц-У-Ц-А- А-У</i> <i>mРНК У- Г –Г; А- Г-У; Г-А-Г; У- У-А</i> <i>аминокислотная последовательность белка :тре, сер, лей, асн</i></p>
50.	<p>Известно, что все виды РНК синтезируются на ДНК- матрице. Фрагмент молекулы ДНК, на котором синтезируется участок центральной петли тРНК, имеет следующую последовательность нуклеотидов АТАГЦТГААЦГГАЦТ. Установите нуклеотидную последовательность участка тРНК, который синтезируется на данном фрагменте, и аминокислоту, которую будет переносить эта тРНК в процессе биосинтеза белка, если третий триплет соответствует антикодону тРНК. Так как mРНК синтезируются на ДНК, то построим mРНК по принципу комплементарности (А-У, Г-Ц) ДНК АТА- ГЦТ- ГАА-Ц ГГ-АЦТ mРНК УАУ; ЦГА; ЦУУ; ГЦЦ; УГА Третий триплет (антикодон mРНК) ЦУУ , соответствует кодону на иРНК ГАА (по принципу комплементарности), по таблице генетического кода этому кодону соответствует аминокислота ГЛУ, которую переносит данная mРНК. Ответ: mРНК УАУ;ЦГА;ЦУУ;ГЦЦ;УГА аминокислота ГЛУ</p>

Процентная шкала 0-100 %;

85-100% - отлично (лабораторная работа выполнена в установленный срок с использованием рекомендаций преподавателя; показан высокий уровень знания изученного материала по заданной теме, проявлен творческий подход, умение глубоко анализировать проблему и делать обобщающие практико-ориентированные выводы; работа выполнена без ошибок и недочетов или допущено не более одного недочета);

75- 84,99% - хорошо (лабораторная работа выполнена в установленный срок с использованием рекомендаций преподавателя; показан хороший уровень владения изученным материалом по заданной теме, работа выполнена полностью, но допущено в ней: а) не более одной негрубой ошибки и одного недочета; б) или не более двух недочетов);

60-74,99% - удовлетворительно (лабораторная работа выполнена в установленный срок с частичным использованием рекомендаций преподавателя; продемонстрированы минимальные знания по основным темам изученного материала; выполнено не менее половины работы или допущены в ней а) не более двух грубых ошибок, б) не более одной грубой ошибки и одного недочета, в) не более двух-трех негрубых ошибок, г) одна негрубая ошибка и три недочета, д) при отсутствии ошибок, 4-5 недочетов);

0-59,99% - неудовлетворительно (число ошибок и недочетов превосходит норму, при которой может быть выставлена оценка «удовлетворительно» или если правильно выполнено менее половины задания; если обучающийся не приступал к выполнению задания или правильно выполнил не более 10 процентов всех заданий).

3.4 Домашнее задание

3.4.1. ПКв-6 –Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий

№ задания	Формулировка задания
51.	<p>Участок правой цепи молекулы ДНК имеет последовательность нуклеотидов: А-Г-Т-Ц-Т-А-А-Ц-Т-Г-А-Г-Ц-А-Т. Запишите последовательность нуклеотидов левой цепи ДНК. Решение: (нуклеотиды левой цепи ДНК подбираем по принципу комплементарности А-Т, Г-Ц) ДНК А Г Т Ц Т А А Ц Т Г А Г Ц А Т ДНК Т Ц А Г А Т Т Г А Ц Т Ц Г Т А Ответ : левая цепь ДНК имеет последовательность нуклеотидов Т-Ц-А-Г-А-Т-Т-</p>

	Г-А-Ц-Т-Ц-Г-Т-А
52.	<p>Участок цепи молекулы ДНК имеет последовательность нуклеотидов: Ц-Т-А-А-Ц-Ц-А-Т-А-Г-Т-Т-Г-А-Г. Запишите последовательность нуклеотидов иРНК.</p> <p>Решение: (нуклеотиды иРНК подбираем по принципу комплементарности к ДНК : А-У, Г-Ц)</p> <p>ДНК Ц Т А А Ц Ц А Т А Г Т Т Г А Г иРНК Г А У У Г Г У А У Ц А А Ц У Ц</p> <p>Ответ : иРНК имеет последовательность нуклеотидов Г-А-У-У-Г- Г-У-А-У-Ц-А-А-Ц-У-Ц</p>
53.	<p>Определите последовательность нуклеотидов иРНК, антикодоны молекул тРНК , если фрагмент ДНК имеет последовательность нуклеотидов Г-Ц-Ц-Т-А-Ц-Т-А-А-Г-Т-Ц</p> <p>Решение: (нуклеотиды подбираем по принципу комплементарности А-У, Г-Ц под ДНК сначала строим иРНК, затем тРНК)</p> <p>ДНК ГЦЦ- ТАЦ- ТАА- ГТЦ иРНК ЦГГ- АУГ- АУУ- ЦАГ тРНК ГЦЦ; УАЦ; УАА; ГУЦ</p> <p>Ответ : иРНК имеет последовательность нуклеотидов Ц ГГАУГАУУЦАГ антикодоны тРНК Г Ц Ц; У А Ц; У А А; Г У Ц</p>
54.	<p>В одной молекуле ДНК нуклеотидов с тимином Т -22% . Определите процентное содержание нуклеотидов с А, Г, Ц по отдельности в этой молекуле ДНК.</p> <p>Решение: □согласно правилу Чаргаффа $A+G = T+C$, все нуклеотиды в ДНК составляют 100%.</p> <p>Так как тимин комплементарен аденину, то $A=22\%$. $22+22=44\%$ (А+Т) $100- 44 =56\%$ (Г+Ц) Так как гуанин комплементарен цитозину, то их количество тоже равно, поэтому $56 : 2 =28\%$ (Г, Ц)</p>
55.	<p>Сколько содержится нуклеотидов А, Т, Г, во фрагменте молекулы ДНК, если в нем обнаружено 1500 нуклеотидов Ц, что составляет 30% от общего количества нуклеотидов в этом фрагменте ДНК?</p> <p>Решение: так как Ц комплементарен Г и их количество равно, то $G=30\%$, что составляет 1500 нуклеотидов.</p> <p>согласно правилу Чаргаффа $A+G = T+C$, все нуклеотиды в ДНК составляют 100% А+Г и Т+Ц по 50 % следовательно $50-30=20\%$ (А, Т). Составим пропорцию $30\% - 1500$ $20\% - ?$ $20 \times 1500 : 30 =1000$ нуклеотидов (А, Т)</p>
56.	<p>Участок молекулы ДНК (одна цепочка) содержит: 150 нуклеотидов – А, 50 нуклеотидов – Т, 300 нуклеотидов – Ц, 100 нуклеотидов - Г. Определите : количество нуклеотидов во второй цепи с А, Т, Г, Ц и общее количество нуклеотидов с А, Т, Ц, Г в двух цепях ДНК.</p> <p>Решение: $A=T$, $G=C$, так как они комплементарны, поэтому во второй цепи Т-150, А-50, Г-300, Ц-100</p> <p>Всего нуклеотидов: $A(150+50)+T(50+150)+G(300+100)+C(100+300)=1200$</p> <p>Ответ: нуклеотидов во второй цепи Т-150, А-50, Г-300, Ц-100; 1200 нуклеотидов в двух цепях.</p>
57.	<p>Две цепи ДНК удерживаются водородными связями. Определите число водородных связей в этой цепи ДНК, если известно, что нуклеотидов с аденином 12, с гуанином 20.</p> <p>Решение: $A=T$, $G=C$, так как они комплементарны Между А и Т двойная водородная связь, поэтому $12 \times 2=24$ связи Между Г и Ц тройная водородная связь, поэтому $20 \times 3=60$ связей $24+60=84$ водородных связей всего Ответ: 84 водородных связей.</p>
58.	<p>Участок молекулы ДНК состоит из 60 пар нуклеотидов. Определите длину этого участка (расстояние между нуклеотидами в ДНК составляет 0,34 нм)</p> <p>Решение: длина нуклеотида 0,34 нм $60 \times 0,34= 20,4$ нм</p> <p>Ответ: 20,4 нм</p>

59.	<p>Длина участка молекулы ДНК составляет 510нм. Определите число пар нуклеотидов в этом участке. Решение: длина нуклеотида 0,34 нм $510:0,34= 1500$ нуклеотидов Ответ: 1500 нуклеотидов</p>
60.	<p>Определите число аминокислот, входящих в состав белка, число триплетов и число нуклеотидов в гене, который кодирует этот белок, если в процессе трансляции участвовало 30 молекул тРНК. Решение: $1\text{тРНК}=1$ аминокислоте, поэтому аминокислот 30 1 аминокислоте = 1 триплету, поэтому триплетов 30 1 триплет = 3 нуклеотида, поэтому $30 \times 3=90$ нуклеотидов. Ответ: аминокислот 30, триплетов 30, 90 нуклеотидов</p>

Критерии и шкалы оценки:

- **оценка «зачтено»** выставляется студенту, если домашнее задание является самостоятельным, оригинальным текстом, в котором прослеживается авторская позиция, продуманная система аргументов, а также наличествует обоснованные выводы; используются термины, понятия по дисциплине, в рамках которой выполняется работа; полностью соответствует выбранной теме, цели и задачам; текст домашнего задания логически выстроен, имеет четкую структуру; работа соответствует всем техническим требованиям; домашнее задание выполнено в установленный срок.

- **оценка «не зачтено»**, выставляется студенту, если домашнее задание не является самостоятельным, оригинальным текстом, в котором не прослеживается авторская позиция, не продумана система аргументов, а также отсутствуют обоснованные выводы; не используются термины, понятия по дисциплине, в рамках которой выполняется работа; не соответствует выбранной теме, цели и задачам; текст домашнего задания композиционно не выстроен; работа не соответствует техническим требованиям; домашнее задание не выполнено в установленный срок.

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. Описание показателей и критериев оценивания компетенций на различных этапах их формирования, описание шкал оценивания для каждого результата обучения по дисциплине

Результаты обучения по этапам формирования компетенций	Предмет оценки (продукт или процесс)	Показатель оценивания	Критерии оценивания сформированности компетенций	Шкала оценивания	
				Академическая оценка или баллы	Уровень освоения компетенции
ПКв – 6 Способен проводить научные исследования в области генетики и генетических технологий					
Знать	основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы исследований; задачи научного исследования в области генной инженерии, современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты, применяемые в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании, задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий, влияние генной инженерии на окружающую среду и человека	Знание основных молекулярно-генетических и молекулярно-биологических методов исследований; задач научного исследования в области генной инженерии, современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании, задач научного исследования в области генетики и генетических технологий, влияния генной инженерии на окружающую среду и человека	Изложены знания основных молекулярно-генетических и молекулярно-биологических методов исследований; задач научного исследования в области генной инженерии, современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании, задач научного исследования в области генетики и генетических технологий, влияния генной инженерии на окружающую среду и человека	Зачтено/ 60-100	Освоена (базовый)
			Не изложены знания основных молекулярно-генетических и молекулярно-биологических методов исследований; задач научного исследования в области генной инженерии, современного лабораторного оборудования, приборов и инструментов, применяемых в генетических технологиях, в том числе в генетическом редактировании, задач научного исследования в области генетики и генетических технологий, влияния генной инженерии на окружающую среду и человека	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	формулировать задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий и применять основные молекулярно-	Умение формулировать задачи научного исследования в области генетики и генетических технологий и применять основные молекулярно-генетические и молекулярно-биологические методы	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 генной инженерии, использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)

	генетические и молекулярно-биологические методы исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генной инженерии, использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в области генетики, проводить исследования в области генетики и генетических технологий, оценивать воздействие генной инженерии на окружающую среду и человека	исследований для решения задач профессиональной деятельности в области генной инженерии, использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в области генетики, проводить исследования в области генетики и генетических технологий, оценивать воздействие генной инженерии на окружающую среду и человека	области генетики, проводить исследования в области генетики и генетических технологий, оценивать воздействие генной инженерии на окружающую среду и человека Не 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 генной инженерии, использовать современное лабораторное оборудование, приборы и инструменты для проведения исследований в области генетики, проводить исследования в области генетики и генетических технологий, оценивать воздействие генной инженерии на окружающую среду и человека	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Владеть	методами оценки воздействия генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды, методами геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании, основными методами сбора, обработки и анализа научной информации, методами прогнозирования	Владение методами оценки воздействия генетических технологий на окружающую среду и человека, прогнозировать последствия их применения, оценивать их последствия для здоровья людей и состояния окружающей среды, методами геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании, основными методами сбора, обработки и анализа научной информации, методами прогнозирования	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, методами геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании, основными методами сбора, обработки и анализа научной информации, методами прогнозирования последствий применения генной инженерии и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не 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, методами геномного редактирования на современном лабораторном оборудовании,	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)

	основными методами сбора, обработки и анализа научной информации, методами прогнозирования последствий применения геномной инженерии и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды	последствий применения геномной инженерии и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды	основными методами сбора, обработки и анализа научной информации, методами прогнозирования последствий применения геномной инженерии и оценивания последствий для здоровья людей и состояния окружающей среды		
--	---	--	---	--	--