

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

Генодиагностика

Направление подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль)

Микробиология

Квалификация выпускника

магистр

Воронеж

1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины (модуля) «Генодиагностика» 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.

В рамках освоения программы магистратуры выпускники могут готовиться к решению задач профессиональной деятельности следующих типов: *научно-исследовательский; экспертно-аналитический.*

Программа составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования по направлению подготовки 06.04.01 Биология (уровень образования - магистратура).

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-2	Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне	ИД1 _{ПКв-2} - Анализирует и обрабатывает информацию по тематике исследования в выбранной области наук, в том числе на междисциплинарном уровне ИД2 _{ПКв-2} - Выбирает экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, исходя из имеющихся материальных и временных ресурсов ИД3 _{ПКв-2} - Формирует (разрабатывает) план проведения научно-исследовательских работ

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ПКв-2} - Анализирует и обрабатывает информацию по тематике исследования в выбранной области наук, в том числе на междисциплинарном уровне	Знает: основные признаки, характеризующие гомеостаз организма в популяции, о последних достижениях в области применения имеющихся знаний о геноме человека и наследственности в диагностике
	Умеет: оценивать соответствие состояния животных адаптивным нормам, использовать современные молекулярно-генетические методы изучения структуры и функций генома
	Владеет: методами коррекции признаков адаптационного потенциала; теоретическими знаниями о геноме человека, о диагностическом потенциале этих знаний, а также о методах молекулярной биологии и молекулярной генетики, с помощью которых эти знания могут быть получены
ИД2 _{ПКв-2} - Выбирает экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, исходя из имеющихся материальных и временных ресурсов	Знает: экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи в области генетики при производстве продуктов питания
	Умеет: выбирать экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, исходя из имеющихся материальных и временных ресурсов
	Владеет: современными методами исследований в области генетики при производстве продуктов питания
ИД3 _{ПКв-2} - Формирует (разрабатывает) план проведения научно-исследовательских работ	Знает: методы составления плана проведения научно-исследовательских работ в области производства продуктов питания и сырья различного происхождения на основе генетических методов
	Умеет: составлять план проведения научно-исследовательских работ
	Владеет: методами формирования планов проведения научных исследований в области генетики сырья различного происхождения и продуктов питания

3. Место дисциплины (модуля) в структуре ОП ВО

Дисциплина относится к *части, формируемой участниками образовательных отношений* Блока 1 ООП. Дисциплина является обязательной к изучению.

Изучение дисциплины основано на знаниях, умениях и навыках, полученных при изучении обучающимися дисциплин: *Молекулярная биология микробной клетки, Большой практикум по микробиологии, Биология различных таксономических групп микроорганизмов, Генетика адаптаций, Система ХАССП в пищевых производствах, Биология вирусов.*

Дисциплина является предшествующей для следующих дисциплин и практик: *Специальный практикум по микробиологии, Геномика, протеомика и эпигенетика, Стратегия биохимической адаптации, Молекулярные методы диагностики в биологии, Современные методы физико-химической биологии, Микробный метаболизм ксенобиотиков, Микробиология в сельском хозяйстве, Молекулярная вирусология, Микробиология в производстве продуктов питания, Учебная практика, практика по направлению профессиональной деятельности, Производственная практика, практика по профилю профессиональной деятельности, практическая подготовка, подготовка к процедуре защиты и защита выпускной квалификационной работы, проведения государственной итоговой аттестации.*

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
		3 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	108	108
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	29,65	29,65
Лекции	9	9
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	18	18
Консультации текущие	0,45	0,45
Консультации перед экзаменом	2,0	2,0
Вид аттестации (экзамен)	0,2	0,2
Самостоятельная работа:	44,55	44,55
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	12	12
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	12	12
Домашнее задание, реферат	20,55	20,55
Подготовка к экзамену (контроль)	33,8	33,8

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	Строение генома человека	Современные представления о строении ДНК, хромосом, геномов. Секвенирование генов и геномов. Современные методы секвенирования: общие принципы, приборы, производительность, масштаб производимых работ. Международный проект "Геном человека". Генетический полиморфизм. Классификация полиморфизмов: однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs, снипы) и полиморфизм длин tandemных повторов. Полиморфизм коротких tandemных повторов; переменные микро- и минисателлитные ДНК.	17,55

2	Методы исследования геномов	Основные молекулярно-генетические методы. Выделение ДНК. Базовые методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование. Векторы для молекулярного клонирования. Полимеразная цепная реакция (ПЦР). Электрофорез фрагментов ДНК. Секвенирование последовательностей ДНК: пиросеквенирование (секвенирование путем синтеза), Понятие о генетических картах. Виды генетических карт: карты сцепления, генетические карты, цитогенетические карты, физические (молекулярные) карты. Подходы к построению генетических карт. Оценка сцепления. Соматическая гибридизация. Цитогенетический анализ. Использование методов FISH и polymerase reaction in situ (PRINS) для построения цитогенетических карт. Подходы к построению физических карт: контиг-карты хромосом человека на основе перекрывающихся клонов геномной ДНК человека, картирование методом дробовика (ShotGun) и картирование с использованием случайных STS, рестрикционное картирование генома человека с использованием рестриктазы NotI (прыжковые и связующие клонотекы), RH-картирование (Radiation Hybrids mapping). Схема картирования гена. Картирование анонимных последовательностей ДНК.	17
3	Мутации	Мутантные аллели. Характеристика и типы мутаций. Генетическая гетерогенность наследственных заболеваний человека. Номенклатура мутаций. Идентификация структурных мутаций. Изоляция мутантных ДНК. Популяционный анализ мутаций. Частоты спонтанного мутагенеза. Эндогенные механизмы возникновения мутаций. Механизмы поддержания и распространения мутаций в популяциях. Пренатальная диагностика молекулярно-генетическими методами. Прямые и косвенные методы молекулярной диагностики. Неинвазивные и инвазивные методы пренатальной диагностики наследственной патологии. ДНК-диагностика при различных типах наследования. Группы риска. Поиск гетерозиготных носителей мутаций. Предимплантационная генетическая диагностика (ПГД, PGD): область применения, методический инструментарий, возможности и ограничения метода.	17
4	Генетические заболевания	Хромосомные болезни. Типы нарушений структуры хромосом. Болезни, обусловленные нарушением числа половых хромосом. Молекулярно-генетический идентификационный анализ: возможности метода и перспективы. Молекулярная биология в экспертизе продуктов питания и оценка влияния на здоровье человека	20
	<i>Консультации текущие</i>		0,45
	<i>Консультации перед экзаменом</i>		2,0
	<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,2
	<i>Подготовка к экзамену (контроль)</i>		33,8

5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, ак. ч	ПЗ, ак. ч	СРО, ак. ч
1	Строение генома человека	2	4	11,55
2	Методы исследования геномов	2	4	11
3	Мутации	2	4	11
4	Генетические заболевания	3	6	11
	<i>Консультации текущие</i>		0,45	
	<i>Консультации перед экзаменом</i>		2,0	
	<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,2	
	<i>Подготовка к экзамену (контроль)</i>		33,8	

5.2.1 Лекции

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика лекционных занятий	Трудовые часы, ак. ч
1	Строение	Современные представления о строении ДНК, хромосом, геномов.	2

	генома человека	Секвенирование генов и геномов. Современные методы секвенирования: общие принципы, приборы, производительность, масштаб производимых работ. Международный проект "Геном человека". Генетический полиморфизм. Классификация полиморфизмов: однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs, снипы) и полиморфизм длин tandemных повторов. Полиморфизм коротких tandemных повторов; переменные микро- и минисателлитные ДНК.	
2	Методы исследования геномов	Основные молекулярно-генетические методы. Выделение ДНК. Базовые методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование. Векторы для молекулярного клонирования. Полимеразная цепная реакция (ПЦР). Электрофорез фрагментов ДНК. Секвенирование последовательностей ДНК: пиросеквенирование (секвенирование путем синтеза), Понятие о генетических картах. Виды генетических карт: карты сцепления, генетические карты, цитогенетические карты, физические (молекулярные) карты. Подходы к построению генетических карт. Оценка сцепления. Соматическая гибридизация. Цитогенетический анализ. Использование методов FISH и polymerase reaction in situ (PRINS) для построения цитогенетических карт. Подходы к построению физических карт: контиг-карты хромосом человека на основе перекрывающихся клонов геномной ДНК человека, картирование методом дробовика (ShotGun) и картирование с использованием случайных STS, рестрикционное картирование генома человека с использованием рестриктазы NotI (прыжковые и связующие клонотекы), RH-картирование (Radiation Hybrids mapping). Схема картирования гена. Картирование анонимных последовательностей ДНК.	2
3	Мутации	Мутантные аллели. Характеристика и типы мутаций. Генетическая гетерогенность наследственных заболеваний человека. Номенклатура мутаций. Идентификация структурных мутаций. Изоляция мутантных ДНК. Популяционный анализ мутаций. Частоты спонтанного мутагенеза. Эндогенные механизмы возникновения мутаций. Механизмы поддержания и распространения мутаций в популяциях. Пренатальная диагностика молекулярно-генетическими методами. Прямые и косвенные методы молекулярной диагностики. Неинвазивные и инвазивные методы пренатальной диагностики наследственной патологии. ДНК-диагностика при различных типах наследования. Группы риска. Поиск гетерозиготных носителей мутаций. Предимплантационная генетическая диагностика (ПГД, PGD): область применения, методический инструментарий, возможности и ограничения метода.	2
4	Генетические заболевания	Хромосомные болезни. Типы нарушений структуры хромосом. Болезни, обусловленные нарушением числа половых хромосом. Молекулярно-генетический идентификационный анализ: возможности метода и перспективы. Молекулярная биология в экспертизе продуктов питания и оценка влияния на здоровье человека	3

5.2.2 Практические занятия (семинары)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика практических занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Строение генома человека	Молекулярные и цитологические основы наследственности	4
2	Методы исследования геномов	Генетический анализ. Основные закономерности наследования у прокариот и эукариот	4
3	Мутации	Генетика индивидуального развития	4
4	Генетические заболевания	Генетика человека. Медицинская генетика.	6

5.2.3 Лабораторный практикум не предусмотрен

5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудо-емкость, час
1	Строение генома человека	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	3
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	3
		Домашнее задание, реферат	5,55
2	Методы исследования геномов	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	3
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	3
		Домашнее задание, реферат	5
3	Мутации	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	3
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	3
		Домашнее задание, реферат	5
4	Генетические заболевания	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	3
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	3
		Домашнее задание, реферат	5

6 Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Для освоения дисциплины обучающийся может использовать:

6.1 Основная литература

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

Герейханова, А. Ю. Генетика : учебно-методическое пособие. — Махачкала : ДагГАУ имени М.М.Джамбулатова, 2020. — 31 с. <https://e.lanbook.com/book/159405>

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

6.2 Дополнительная литература

Кузнецова, Т. А. Общая биология. Теория и практика : учебное пособие. — 2-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 114 с. <https://e.lanbook.com/book/212753>

Общая генетика : учебное пособие / составители М. В. Ульянова [и др.]. — 2-е изд., доп. и перераб. — Кемерово : КемГУ, 2019. — 78 с. <https://e.lanbook.com/book/134334>

6.3 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся

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

Кадиев, А. К. Генетика. Руководство к практическим занятиям : учебное пособие для вузов (гриф НМС ФУМО). — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 252 с. <https://e.lanbook.com/book/208481>

Любимов, А. И. Генетика: практикум : учебное пособие. — Ижевск : Ижевская ГСХА, 2021. — 108 с. : <https://e.lanbook.com/book/209018>

Кирина, И. Б. Задачник по генетике : учебно-методическое пособие. — Воронеж : Мичуринский ГАУ, 2020. — 155 с. <https://e.lanbook.com/book/157861>

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.vsu.ru/MegaPro/Web
Сайт Министерства науки и высшего образования РФ	http://minobrnauki.gov.ru
Электронная информационно-образовательная среда ФГБОУ ВО «ВГУИТ»	http://education.vsu.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 для проведения учебных занятий №403	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»]
---	---

	«Бессрочно» (Включен в установочный пакет операционной системы Альт Образование 8.2)].
Учебная аудитория для проведения учебных занятий №434	Компьютер, 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)].
Помещение для самостоятельной работы № 416	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)** в виде приложения.

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

ПРИЛОЖЕНИЕ
к рабочей программе

1. Организационно-методические данные дисциплины для очно-заочной формы 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
		4 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	108	108
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	22,6	22,6
Лекции	8	8
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	12	12
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	12	12
Консультации текущие	0,4	0,4
Консультации перед экзаменом	2,0	2,0
Вид аттестации (экзамен)	0,2	0,2
Самостоятельная работа:	51,6	51,6
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	14	14
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	15	15
Домашнее задание, реферат	22,6	22,6
Подготовка к экзамену (контроль)	33,8	33,8

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

Генодиагностика

1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
2	ПКв-2	Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне	ИД1 _{ПКв-2} - Анализирует и обрабатывает информацию по тематике исследования в выбранной области наук, в том числе на междисциплинарном уровне
			ИД2 _{ПКв-2} - Выбирает экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, исходя из имеющихся материальных и временных ресурсов
			ИД3 _{ПКв-2} - Формирует (разрабатывает) план проведения научно-исследовательских работ

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ПКв-2} - Анализирует и обрабатывает информацию по тематике исследования в выбранной области наук, в том числе на междисциплинарном уровне	Знает: основные признаки, характеризующие гомеостаз организма в популяции, о последних достижениях в области применения имеющихся знаний о геноме человека и наследственности в диагностике
	Умеет: оценивать соответствие состояния животных адаптивным нормам, использовать современные молекулярно-генетические методы изучения структуры и функций генома
	Владеет: методами коррекции признаков адаптационного потенциала; теоретическими знаниями о геноме человека, о диагностическом потенциале этих знаний, а также о методах молекулярной биологии и молекулярной генетики, с помощью которых эти знания могут быть получены
ИД2 _{ПКв-2} - Выбирает экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, исходя из имеющихся материальных и временных ресурсов	Знает: экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи в области генетики при производстве продуктов питания
	Умеет: выбирать экспериментальные и расчетно-теоретические методы решения поставленной задачи, исходя из имеющихся материальных и временных ресурсов
	Владеет: современными методами исследований в области генетики при производстве продуктов питания
ИД3 _{ПКв-2} - Формирует (разрабатывает) план проведения научно-исследовательских работ	Знает: методы составления плана проведения научно-исследовательских работ в области производства продуктов питания и сырья различного происхождения на основе генетических методов
	Умеет: составлять план проведения научно-исследовательских работ
	Владеет: методами формирования планов проведения научных исследований в области генетики сырья различного происхождения и продуктов питания

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	Строение генома человека	ПКв-2	Тест	1-30	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (вопросы)	31-40	

			для зачета)		«зачтено – не зачтено»
			Собеседование (задания для практической работы)	41-50	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание/реферат	51-60	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
2	Методы исследования геномов	ПКв-2	Тест	1-30	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)	31-40	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
			Собеседование (задания для практической работы)	41-50	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание/реферат	51-60	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
3	Мутации	ПКв-2	Тест	1-30	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)	31-40	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
			Собеседование (задания для практической работы)	41-50	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание/реферат	51-60	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
4	Генетические заболевания	ПКв-2	Тест	1-30	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)	31-40	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
			Собеседование (задания для практической работы)	41-50	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее	51-60	Проверка преподавателем

			задание/реферат		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, тестовые задания и самостоятельно (домашнее задание, реферат). 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 (зачета). 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 Шифр и наименование компетенции

ПКв-2 Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне

1.	Свойство организмов обеспечивать материальную и функциональную преемственность между поколениями: изменчивость; пенетрантность; наследственность ; размножение.
2.	Связь между поколениями, которая обеспечивается половыми или соматическими клетками называется; генетика; материальная преемственность наследственности ; цитоплазматическая наследственность; размножение.
3.	Связь между поколениями, которая заключается в становлении определенного типа обмена веществ и индивидуального развития, на базе которых формируются признаки и свойства называется физиология; материальная преемственность наследственности ; функциональная преемственность наследственности;

	изменчивость.
4.	Система записи порядка расположения аминокислот в белке с помощью нуклеотидов ДНК называется размножение; пенетрантность; экспрессивность; генетический код.
5.	Виды наследственности хромосомная, внехромосомная, функциональная; хромосомная, цитоплазматическая, сигнальная; ядерная, внеядерная, сигнальная; ядерная, цитоплазматическая, функциональная.
6.	Материальными носителями наследственности являются гены хромосом ядра – это хромосомная наследственность; митохондриальная наследственность; сигнальная наследственность; цитоплазматическая наследственность.
7.	Материальными носителями наследственности являются гены структур цитоплазмы яйцеклетки – это хромосомная наследственность; пластидная наследственность; сигнальная наследственность; цитоплазматическая наследственность.
8.	Гены хлоропластов обеспечивают хромосомную наследственность; пластидную наследственность; сигнальную наследственность; митохондриальную наследственность.
9.	Понятие плазмагенов гены ядра; гены, отвечающие за синтез структур цитоплазмы; гены, отвечающие за синтез белков плазмалеммы; совокупность генов цитоплазмы.
10.	Единица считывания генетической информации – это ген; оперон; экзон; кодон.
11.	В состав оперона прокариот не входят промотор ген-регулятор и ген-оператор структурные гены интроны
12.	Количество структурных генов в опероне прокариот 1; 10-15; 3-7; тысячи.
13.	Промотор – это участок оперона, который контролирует синтез белков-репрессоров, действующих на ген-оператор; взаимодействует с ферментом РНК-полимеразой; контролирует синтез белков-ферментов; запускает синтез белка.
14.	Генотип – это совокупность генов в составе одной хромосомы; сумма всех генов кариотипа; совокупность гомологичных пар хромосом; сумма генов в диплоидном наборе хромосом.
15.	Геном – это совокупность генов в составе одной хромосомы; совокупность генов в диплоидном наборе хромосом; совокупность генов в гаплоидном наборе хромосом;

	совокупность всех генов кариотипа.
16.	Чем характеризуется рецессивный ген? тем, что проявляется в гомозиготном состоянии; тем, что проявляется в гетерозиготном состоянии; тем, что проявляется в гомо- и гетерозиготном состоянии; тем, что подавляет доминантный ген; тем, что подавляется доминантным геном.
17.	Гомозиготный организм: образует один тип гамет; образует два типа гамет, содержит одинаковые аллельные гены; не дает расщепления при скрещивании с аналогичной по генотипу особью; дает расщепление при скрещивании с аналогичной по генотипу особью.
18.	Охарактеризуйте особь с генотипом Вв: гомозиготна по рецессивному признаку; гомозиготна по доминантному признаку; гетерозиготна; образует два типа гамет; образует один тип гамет.
19.	Выберите виды мутаций: а) генные; б) нуклеотидные; в) полимеразные; г) хромосомные; д) геномные.
20.	Выберите составные части нуклеотида: сахар; фосфатная группа; углеводы; липиды; азотистые основания.
21.	_____ – процесс формирования зрелой мРНК путем удаления интронов из молекулы пре-мРНК и сшивания экзонов в клетках эукариот Ответ: Сплайсинг
22.	_____ – это перенос генетической информации с ДНК на РНК, т. е. процесс синтеза РНК с использованием ДНК в качестве матрицы, происходящий во всех живых клетках. Ответ: Транскрипция
23.	_____ – процесс, в ходе которого наследственная информация от гена преобразуется в функциональный продукт – РНК или белок. Ответ: Экспрессия генов
24.	_____ – набор генов организма, которые он получает от своих родителей. Ответ: Генотип
25.	_____ – совокупность генов в гаплоидном (одинарном) наборе хромосом. Ответ: Геном
26.	Этапы синтеза белка и необходимые факторы По А. Ленинджеру 1. Терминация полипептидной цепи и освобождение; 2. Активация аминокислот с образованием аминоацил-тРНК; 3. Элонгация полипептидной цепи; 4. Инициация полипептидной цепи; 5. Сворачивание полипептидной цепи и процессинг (созревание). Ответ: 2 4 3 1 5
27.	Метод секвенирования включает следующие этапы: 1. анализ результатов на радиоавтографе. 2. гибридизация изучаемого фрагмента ДНК с праймером 3. денатурация полученных продуктов формамидом 4. ферментативный синтез ДНК 5. электрофорез в полиакриламидном геле на четырех дорожках Ответ: 2 4 3 5 1
28.	Клонирование фрагмента ДНК включает несколько последовательных этапов: 1. Получение необходимого количества клеток, содержащих рекомбинантную ДНК 2. Встраивание клонируемого (чужеродного) фрагмента ДНК в векторную молекулу ДНК 3. Получение фрагмента ДНК

	<p>4. Проникновение этой конструкции в бактериальную клетку-хозяина 5. Идентификация клеток, содержащих рекомбинантную ДНК, и их отбор Ответ: 3 2 4 5 1</p>
29.	<p>Один ребёнок в семье родился здоровым, а второй имел тяжёлую наследственную болезнь и умер сразу после рождения. Какова вероятность того, что следующий ребёнок в этой семье будет здоровым? Рассматривается одна пара аутосомных генов. Решение. Анализируем генотипы родителей: оба родителя здоровы, они не могут иметь данную наследственную болезнь, т.к. она приводит к гибели организма сразу после рождения. Если предположить, что данное заболевание проявляется по доминантному типу и здоровый признак является рецессивным, тогда оба родителя рецессивны. Тогда у них не может родиться больной ребёнок, что противоречит условию задачи. Если данная болезнь является рецессивной, а ген здорового признака наследуется по доминантному типу, тогда оба родителя должны быть гетерозиготными и у них могут быть как здоровые дети, так и больные. Составляем схему скрещивания: Ответ: Соотношение в потомстве 3:1, вероятность рождения здорового ребёнка в этой семье составляет 75%.</p>
30.	<p>При скрещивании чёрных кроликов между собой в потомстве получили чёрных и белых крольчат. Составить схему скрещивания, если известно, что за цвет шерсти отвечает одна пара аутосомных генов. Решение: Родительские организмы имеют одинаковые фенотипы – чёрный цвет, а в потомстве произошло “расщепление”. Согласно второму закону Г. Менделя, ген, ответственный за развитие чёрного цвета, доминирует и скрещиванию подвергаются гетерозиготные организмы.</p>

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 Шифр и наименование компетенции

ПКв-2 Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне

31.	<p>Доказательства генетической роли ДНК Ответ: <i>Дезоксирибонуклеиновая кислота (ДНК) — это макромолекула, обеспечивающая хранение, передачу из поколения в поколение и реализацию генетической программы развития и функционирования живых организмов.</i></p> <ol style="list-style-type: none"> 1) <i>Открытие нуклеиновых кислот Ф.Мишер в 1869г.</i> 2) <i>Первая трансформация бактерий была проведена Гриффитсом 1928-1931 году</i> 3) <i>В 1944 г О.Эйвери, К.Мак-Леод и М.Маккарти доказали, что ДНК является генетическим материалом бактерий</i> 4) <i>А. Херши и М.Чейз доказали, что ДНК является генетическим материалом бактериофагов</i> <p><i>Все эти открытия доказывают генетическую роль ДНК в клетке.</i></p>
32.	<p>Передача наследственной информации при бесполом и половом типах размножения Ответ: <i>В размножении без полового способа, клетки-потомки возникают путем деления одной материнской клетки на две дочерние клетки. Этот процесс называется бинарным делением. Таким образом, в бесполовой репродукции наследственная информация полностью копируется без смешивания генетического материала.</i> <i>В половом размножении, слияние гамет (сексуальная репродукция) происходит через оплодотворение, что приводит к образованию зиготы. В процессе оплодотворения, генетический материал от обоих родителей объединяется, что приводит к новой комбинации генетической информации. В результате этого, потомство получает генетический материал от обоих родителей, и в результате потомство отличается от каждого из родителей.</i> <i>Таким образом, в бесполовой репродукции наследственная информация передается без</i></p>

	изменений, тогда как в половой репродукции наследственная информация смешивается и разнообразно комбинируется с генетическим материалом другого родителя.
33.	<p>Методы генанализа</p> <p>Ответ: 1. Полимеразная цепная реакция (ПЦР) - метод увеличения количества определенной ДНК-последовательности.</p> <p>2. Электрофорез - метод разделения и анализа биологических молекул (например, ДНК, РНК, белков) на основе их электрической зарядности и размера.</p> <p>3. Методы секвенирования - техники определения последовательности нуклеотидов в ДНК или РНК.</p> <p>4. Методы гибридизации - использование комплементарности нуклеотидных последовательностей для обнаружения и анализа конкретных генов или РНК.</p> <p>5. Методы мутационного анализа - техники для обнаружения и анализа генетических мутаций.</p> <p>6. Методы анализа экспрессии генов - изучение уровня экспрессии генов в клетках или тканях.</p> <p>7. Методы анализа белков - техники для изучения структуры, функции и взаимодействия белков.</p> <p>8. Методы метаболомики - изучение всех метаболитов в клетках, тканях или организмах для выявления биохимических путей и процессов.</p>
34.	<p>Типы детерминации пола у животных и растений</p> <p>Ответ: 1. Генетический метод - определение пола на основе генетических характеристик, таких как наличие определенных половых хромосом.</p> <p>2. Морфологический метод - определение пола на основе внешних морфологических признаков, таких как размер, форма и окраска половых органов.</p> <p>3. Гормональный метод - определение пола на основе уровня половых гормонов, таких как тестостерон и эстроген, в крови или тканях.</p> <p>4. Методы молекулярной биологии - использование методов анализа ДНК для определения пола на основе наличия или отсутствия определенных генов, связанных с полом.</p>
35.	<p>Особенности микроорганизмов как объекта генетических исследований</p> <p>Ответ: Микроорганизмы имеют ряд особенностей, которые делают их привлекательным объектом для генетических исследований. Во-первых, они имеют короткий поколенческий цикл, что позволяет исследовать множество поколений за короткое время. Это делает возможным изучение эволюции и генетических изменений в реальном времени.</p> <p>Во-вторых, микроорганизмы имеют маленький размер, что облегчает изоляцию ДНК и проведение генетических экспериментов.</p> <p>Также микроорганизмы обладают высокой репродуктивной способностью, что позволяет проводить генетические эксперименты на больших популяциях и изучать различные генетические процессы, такие как мутации, рекомбинация и отбор.</p> <p>Кроме того, многие микроорганизмы имеют небольшой геном, что делает их привлекательным объектом для изучения генетических механизмов и функций конкретных генов.</p> <p>И наконец, микроорганизмы играют важную роль в различных биотехнологических процессах, таких как производство антибиотиков, ферментов и других продуктов, поэтому изучение их генетики имеет практическое значение.</p>
36.	<p>Организация генетического аппарата у бактерий</p> <p>Ответ: Генетический аппарат у бактерий состоит из кольцевой молекулы ДНК, называемой хромосомой, которая находится в цитоплазме. У бактерий также могут быть плазмиды - небольшие кольцевые молекулы ДНК, которые могут носить гены, кодирующие дополнительные свойства, такие как устойчивость к антибиотикам.</p> <p>Бактерии используют процесс репликации для копирования своей хромосомы перед делением. Они также могут обмениваться генетическим материалом с другими бактериями путем конъюгации, трансформации или трансдукции.</p> <p>Гены на бактериальной хромосоме кодируют белки и другие молекулы, необходимые для выживания и размножения бактерий. Они также могут содержать гены, ответственные за адаптацию к изменяющимся условиям окружающей среды.</p>
37.	<p>Методы, применяемые в генетическом анализе у бактерий и бактериофагов: клональный анализ, метод селективных сред, метод отпечатков и др</p> <p>Ответ: Действительно, в генетическом анализе бактерий и бактериофагов применяются различные методы, включая:</p> <p>1. Клональный анализ: Этот метод включает разделение и изучение отдельных</p>

	<p>клеток или вирусных частиц для анализа их генетического состава и поведения. Это позволяет ученым изучать фенотипическое и геномное разнообразие в бактериальных или вирусных популяциях.</p> <p>2. Метод селективных сред: Этот метод основан на использовании специальных сред, содержащих антибиотики или другие ингибиторы роста, чтобы отобрать или выявить бактерии с определенными генетическими свойствами, такими как устойчивость к антибиотикам.</p> <p>3. Метод отпечатков: Этот метод используется для анализа генетического полиморфизма в популяциях бактерий и бактериофагов путем сравнения их генетических отпечатков, таких как RFLP (ограничение длины фрагментов), AP-PCR (произвольная полимеразная цепная реакция) и другие.</p> <p>Кроме этих, также используют:</p> <ul style="list-style-type: none"> -Методы мутационного анализа: такие как транспозонные мутагены, сайт-специфические мутагены и методы поиска вставок. -Методы секвенирования: для анализа генома бактерий и бактериофагов и в поиске специфических генетических изменений.
38.	<p>Методы генетического картирования при конъюгации. Кольцевая карта хромосом прокариот</p> <p>Ответ: Методы генетического картирования при конъюгации включают в себя определение порядка и частоты появления рекомбинантных генотипов у плононосящих бактерий.</p> <p>Кольцевая карта хромосомы прокариот применяется для отображения расположения генов и других функциональных областей на геноме бактерий. Эта карта включает ориентированные по генетическому расстоянию локусы, гены и другие элементы генома, и может использоваться для обсуждения генного обмена, мутаций и других генетических событий.</p> <p>При генетическом картировании при конъюгации, для построения кольцевой карты хромосомы прокариот используют следующие методы:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Определение точек конъюгационного перекреста: Этот метод включает маркирование различных участков генома бактерии и определение частоты и характера перекреста между ними. 2. Метод повреждения ДНК: Этот метод включает внесение медленных репараций в ДНК, чтобы изучить последовательность генов и их распределение на кольцевой хромосоме. 3. Методы использования маркеров: Использование разнообразных маркеров позволяет отслеживать определенные участки генома и изучать их поведение при конъюгации.
39.	<p>Векторы генной инженерии, основы классификации</p> <p>Ответ: Векторы генной инженерии — это молекулярные инструменты, используемые для передачи и клонирования генетической информации в клетках, применяемые в молекулярной биологии и генной инженерии. Векторы обычно представляют собой кольцевую ДНК или РНК, которые могут содержать различные генетические элементы, такие как гены отбора, маркеры, промоторы, сайты рестрикции и др. В зависимости от их функций и свойств, векторы могут быть классифицированы следующим образом:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. По типу носителя: <ul style="list-style-type: none"> -Плазмиды: кольцевые молекулы ДНК, которые способны самостоятельно реплицироваться внутри бактериальных клеток. -Вирусные векторы: вирусы, используемые для трансляции генетической информации в клетку-хозяина. 2. По функциональному назначению: <ul style="list-style-type: none"> -Векторы для клонирования: используются для вставки и сохранения желаемых генетических последовательностей. -Векторы для экспрессии: специально сконструированные для экспрессии (транскрипции и трансляции) вставленных генов. -Векторы для секвенирования: используются для разделения и анализа генетических последовательностей. 3. По выбору маркеров: <ul style="list-style-type: none"> -Векторы с маркерами сопротивляемости: содержат гены, обеспечивающие резистентность к антибиотикам или другим токсичным веществам. -Векторы с маркерами детекции: содержат гены, которые облегчают обнаружение вставленных фрагментов ДНК или РНК.
40.	<p>Генетическая трансформация животных клеток</p> <p>Ответ: Генетическая трансформация животных клеток — это процесс внесения</p>

	<p>генетических изменений в клетки животных с целью изучения биологических процессов, моделирования заболеваний и разработки новых методов лечения.</p> <p>Существует несколько методов генетической трансформации животных клеток:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Трансфекция: Этот метод включает введение иностранной ДНК в клетку с использованием различных техник, таких как электропорация, использование липосом и полимеров, и метод микроинъекций. 2. Вирусные векторы: Вирусы используются для доставки и внедрения иностранной ДНК в клетку. Это позволяет использовать естественные механизмы заражения вирусов для достижения клеток. 3. Трансгенез: Этот метод включает создание животных с "встроенным" иностранным геном, путем введения изменений во всех клетках, включая гонады, что позволяет передачу генетических изменений на потомство.
--	--

Критерии и шкалы оценки:

- **оценка «зачтено»** выставляется студенту, если он активно участвует в собеседовании и обсуждении, подготовил аргументы в пользу решения, предложил альтернативы, выслушивал мнения других;

- **оценка «не зачтено»**, если студент выполнял роль наблюдателя, не внес вклада в собеседование и обсуждение.

3.3 Собеседование (задания для практических работ)

3.3.1 Шифр и наименование компетенции

ПКв-2 Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне

41.	<p>Понятие и молекулярно-генетические причины детерминации и трансдетерминации клеток.</p> <p>Ответ: Детерминация клеток — это процесс, в результате которого клетка приобретает определенную судьбу и специализацию. Она определяется генетической информацией, содержащейся в клетке. Молекулярно-генетические причины детерминации клеток связаны с активацией или подавлением определенных генов. Одним из ключевых механизмов детерминации клеток является дифференциация генов. Во время развития организма, некоторые гены становятся активными, тогда как другие подавляются. Это происходит благодаря взаимодействию различных молекул, таких как транскрипционные факторы и эпигенетические маркеры, с ДНК.</p> <p>Трансдетерминация клеток — это процесс, при котором клетка меняет свою судьбу и специализацию под влиянием сигналов из окружающей среды или изменений во внутренней генетической программе. Это может происходить путем изменения активации или подавления определенных генов.</p> <p>Молекулярно-генетические причины трансдетерминации клеток связаны с изменением экспрессии генов и взаимодействием различных сигнальных путей. Например, определенные сигналы могут активировать или подавлять определенные транскрипционные факторы, что может привести к изменению программы развития клетки.</p>
42.	<p>Экспериментальные модели исследования дифференцировки клеток</p> <p>Ответ: Для изучения дифференциации клеток используются различные экспериментальные модели. Одной из таких моделей является культура клеток, где клетки выращиваются в искусственных условиях в питательной среде. В этой модели можно изучать влияние различных факторов на дифференциацию клеток, таких как добавление определенных молекул или изменение условий культивирования.</p> <p>Также для изучения дифференциации клеток используются животные модели, такие как мыши или зебрафишки. В этих моделях исследователи могут проводить генетические манипуляции, чтобы изучить роль определенных генов в дифференциации клеток. Например, они могут удалить или переактивировать определенный ген и наблюдать, как это влияет на развитие организма.</p> <p>Кроме того, существуют также индуцированные плюрипотентные стволовые клетки (iPSC), которые могут быть произведены из взрослых клеток путем перепрограммирования. Эти клетки имеют потенциал дифференцироваться в различные типы клеток, что позволяет исследователям изучать процессы дифференциации на клеточном уровне.</p>
43.	<p>Химерные организмы. Клеточные взаимодействия</p> <p>Ответ: Химерные организмы — это организмы, состоящие из клеток разных видов.</p>

	<p>Они могут быть созданы путем смешивания клеток разных видов во время развития эмбриона или путем внесения генетически модифицированных клеток в организм. Химерные организмы широко используются в исследованиях клеточных взаимодействий. Например, исследователи могут создавать химерных мышей, в которых клетки одного организма интегрируются в ткани другого организма. Это позволяет изучать, как клетки разных видов взаимодействуют друг с другом и как это влияет на развитие и функционирование организма.</p> <p>Клеточные взаимодействия играют важную роль в дифференциации клеток. Клетки взаимодействуют друг с другом с помощью различных молекул, таких как сигнальные белки и рецепторы. Эти сигналы могут активировать гены и изменять активность клеточных процессов, что приводит к дифференциации клеток.</p> <p>Таким образом, химерные организмы и исследования клеточных взаимодействий помогают расширить наши знания о дифференциации клеток и понять, как разные клетки взаимодействуют друг с другом в различных контекстах. Это может иметь важное значение для развития новых методов лечения и регенеративной медицины.</p>
44.	<p>Методика создания искусственных клонов</p> <p>Ответ: Методика создания искусственных клонов может варьироваться в зависимости от организма, который требуется клонировать. Однако, наиболее распространенным методом является метод ядерной трансплантации.</p> <p>Процесс начинается с выбора донорской клетки, которая содержит полный набор генетической информации. Эта клетка обычно берется из зрелой особи, которую требуется клонировать. Затем, ядро этой клетки извлекается и вводится в знуклеированную яйцеклетку, то есть яйцеклетку, из которой удалено собственное ядро.</p> <p>После этого, яйцеклетка с донорским ядром подвергается стимуляции для индукции деления и развития эмбриона. В результате получается эмбрион, который генетически идентичен донору клетки.</p>
45.	<p>Основные методы анализа ядерного генома</p> <p>Ответ: Основные методы анализа ядерного генома включают:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Секвенирование ДНК: Этот метод позволяет определить последовательность нуклеотидов в геноме. Существуют различные методы секвенирования, такие как Sanger-секвенирование и методы следующего поколения (Next Generation Sequencing, NGS), которые позволяют секвенировать геномы с высокой точностью и эффективностью. 2. Полимеразная цепная реакция (ПЦР): Этот метод используется для усиления определенного фрагмента ДНК в геноме. ПЦР позволяет получить множество копий выбранного фрагмента ДНК, что облегчает его анализ и дальнейшую обработку. 3. Анализ микрочипов (микрочиповая гибридизация): Этот метод позволяет одновременно анализировать экспрессию тысяч генов в геноме. На специальных микрочипах размещены пробы ДНК, которые гибридизируются с образцами РНК, извлеченными из клеток. Это позволяет определить, какие гены экспрессируются и в каком количестве. 4. Генетический скрининг: Этот метод используется для поиска генетических вариантов, связанных с определенными заболеваниями или фенотипами. С помощью различных техник, таких как полимеразная цепная реакция в реальном времени (real-time PCR), секвенирование или гибридизация, можно исследовать конкретные гены или участки генома, чтобы выявить наличие или отсутствие определенных мутаций или вариантов. 5. Картирование генома: Этот метод позволяет определить расположение генов и других участков ДНК на хромосомах. Существуют различные методы картирования генома, такие как физическое картирование и генетическое картирование, которые позволяют определить относительное положение генов на хромосомах.
46.	<p>Геносистематика. Молекулярно-генетические маркеры в геносистематике</p> <p>Ответ: Геносистематика — это область биологии, которая изучает генетические отношения между различными организмами для понимания их эволюционных связей и классификации. Молекулярно-генетические маркеры играют важную роль в геносистематике, так как они позволяют исследовать генетические различия и сходства между разными видами.</p> <p>Молекулярно-генетические маркеры — это участки ДНК, которые могут быть использованы для определения генетических различий между организмами. Они могут быть использованы для изучения генетических отношений между видами, родами и другими таксономическими группами. Примерами молекулярно-генетических маркеров являются последовательности ДНК, генетические маркеры (например, РЦР-маркеры),</p>

	<p>геномные маркеры (например, SNP) и другие.</p> <p>Использование молекулярно-генетических маркеров в геносистематике позволяет уточнять таксономическую классификацию организмов, определять эволюционные отношения между ними, исследовать дивергенцию и конвергенцию в эволюции, а также проводить исследования популяционной генетики и различных других аспектов биологического разнообразия.</p>
47.	<p>Сравнительный геномный анализ гомеологии видов</p> <p>Ответ: Сравнительный геномный анализ гомеологии видов – это метод исследования, в котором сравнивают геномы различных видов, чтобы определить сходство и различия в генетической информации. Гомеология в генетике означает сходство генов или последовательностей ДНК, возникшее в результате дупликации генома или хромосом.</p> <p>Для проведения сравнительного геномного анализа гомеологии видов используются различные методы, включая выравнивание последовательностей ДНК или аминокислот, поиск гомеологичных генов и областей генома, и анализ сходства и различий на уровне геномной структуры.</p> <p>Этот вид анализа позволяет установить эволюционные отношения между различными видами, определить гены, которые остались консервативными в процессе эволюции, и изучить функциональные и структурные изменения, которые могли произойти в ходе дивергенции видов. Сравнительный геномный анализ гомеологии видов также может помочь в понимании механизмов адаптации и эволюции организмов, в том числе в контексте их молекулярной и функциональной геномики.</p>
48.	<p>Особенность генома животных</p> <p>Ответ: Геномы животных имеют несколько особенностей, которые отличают их от геномов других организмов. Вот некоторые из них:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Размер и сложность: Геномы животных обычно имеют гораздо больший размер и сложность, чем геномы прокариот и более простых организмов. Например, человеческий геном состоит из около 3 миллиардов пар оснований. 2. Наличие интронов: Геномы животных часто содержат участки непрограммируемой ДНК, называемой интронами, которые должны быть удалены при транскрипции РНК. Это отличает их от прокариотических геномов, которые часто лишены интронов. 3. Наличие повторяющихся последовательностей: Геномы животных часто содержат повторяющиеся последовательности ДНК, которые могут играть роль в процессах регуляции генов, структурной стабильности хромосом и других биологических процессах. 4. Полиплоидия: у некоторых животных, включая растения и некоторые группы насекомых, могут быть полиплоидные геномы, то есть у них может быть более двух наборов хромосом.
49.	<p>Генетический анализ сложных признаков</p> <p>Ответ: Генетический анализ сложных признаков является исследованием наследственной основы сложных характеристик или болезней, которые обусловлены воздействием множества генов в сочетании с окружающей средой. Такие признаки не подчиняются классическим законам Менделя и могут быть определяемыми как генетическими и не генетическими факторами.</p> <p>Для генетического анализа сложных признаков часто применяются различные методы, включая анализ ассоциации, семейные и популяционные исследования, а также молекулярно-генетические подходы. Примеры таких методов включают анализ ассоциации генотипа и фенотипа, поиск генетических маркеров, используемых для идентификации наследственных факторов, а также геномное секвенирование и другие методы молекулярной генетики.</p> <p>Исследование сложных признаков имеет важное значение для понимания основ эффективности лечения, профилактики и даже прогнозирования подобных заболеваний и особенностей. Это также является ключевым элементом поиска генетических маркеров и мутаций, связанных с различными комплексными наследственными состояниями, такими как сахарный диабет, шизофрения, сердечно-сосудистые заболевания и другие.</p>
50.	<p>Определение происхождения животных, генетического родства пород</p> <p>Ответ: Определение происхождения животных и генетического родства пород может включать в себя использование методов генетического анализа, таких как молекулярно-генетические маркеры и секвенирование генома.</p> <p>Молекулярно-генетические маркеры могут включать в себя микроспутниковые маркеры (microsatellites), SNP (однонуклеотидные полиморфизмы), генетические маркеры или другие участки ДНК, которые могут использоваться для сравнения и</p>

<p><i>анализа генетического материала различных особей. Эти маркеры могут быть использованы для оценки генетического разнообразия, родства между породами и определения их происхождения.</i></p> <p><i>Секвенирование генома позволяет изучать полный геном животных и анализировать его структуру и последовательности генов. Этот подход может дать более подробное представление о генетическом родстве между различными породами и даже помочь в отслеживании их происхождения и эволюционной истории.</i></p> <p><i>Анализ генетического родства пород может иметь важное значение для селекции, сохранения генетического разнообразия и определения истории развития конкретной породы. Кроме этого, он может помочь в понимании генетических основ различий между породами и помочь в разработке стратегий для поддержания и улучшения здоровья и продуктивности животных.</i></p>
--

Процентная шкала 0-100 %;

85-100% - отлично (практическое задание выполнено 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 (практическое задание выполнено 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 (практическое задание выполнено 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 Реферат

3.4.1 Шифр и наименование компетенции

ПКв-2 Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне

№ задания	Формулировка задания
51.	История становления генетики развития. Признание роли генов в онтогенезе
52.	Методы трансгенеза в животноводстве
53.	Технологические трудности и ограничения клонирования млекопитающих
54.	Микроэволюционные процессы в популяциях и видообразование
55.	Методы исследования в генетике человека

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 наличествуют 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.

3.5 Домашнее задание

3.5.1 Шифр и наименование компетенции

ПКв-2 Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне

№ задания	Формулировка задания
56.	<p>История создания хромосомной теории наследственности</p> <p>Ответ: Хромосомная теория наследственности связана с работой многих ученых, которые внесли свой вклад в понимание развития и наследования. Вот краткий обзор истории создания хромосомной теории наследственности:</p> <ol style="list-style-type: none">1. Работы Менделя: В 1865 году австрийский монах Григор Мендель опубликовал свои работы, в которых он описал законы наследования, выведя свои знаменитые законы - законы Менделя. Хотя его работы были недооценены в то время, они позже стали основой для развития генетики.2. Открытие хромосом: В конце 19 века были открыты хромосомы (в 1882 году Эдуард Штрассбургер), и ученые начали предполагать, что хромосомы могут играть ключевую роль в наследственности.3. Открытие закона Менделевского наследования и хромосомы: В начале 20 века ученые Т. Х. Морган, Альфред Старлинг, Уолтер Самтон и другие, проводили исследования на мухах и других организмах, что привело к формированию хромосомной теории наследственности. Эти ученые обнаружили связь между Менделевскими законами наследования и наличием хромосом.4. Формирование хромосомной теории: к 1920-м годам хромосомная теория наследственности была широко принята научным сообществом. Это привело к новому пониманию наследственности, включая механизм полового размножения, генетические болезни и эволюцию.
57.	<p>Генетические механизмы наследования модификаций</p> <p>Ответ: Генетические механизмы наследования модификаций или изменений, которые происходят в ходе жизненного цикла организма, вызванных окружающей средой или внутренними факторами, до сих пор вызывают много дискуссий и исследований в области генетики. Эти изменения могут влиять на фенотип - внешние проявления - без изменения ДНК последовательности.</p> <p>Несмотря на многие исследования, существует несколько гипотез о генетических механизмах наследования модификаций:</p> <ol style="list-style-type: none">1. Эпигенетика изучает изменения в экспрессии генов, которые не затрагивают последовательность ДНК. Эпигенетические изменения могут влиять на передачу информации от одного поколения к другому через гаметы, но также могут быть унаследованы и через немодифицированные ДНК. Примеры эпигенетических механизмов включают метилирование ДНК и модификацию гистонов.2. Некоторые исследования предполагают, что РНК, включая микроРНК и другие классы РНК, могут участвовать в передаче наследственной информации и влиять на фенотипы будущих поколений.3. Множество исследований указывают на то, что окружающая среда и образ жизни могут вызывать изменения метаболических путей, которые затем передаются наследственно путем влияния на генетический материал, и это влияние может передаваться следующему поколению. <p>Эти различные механизмы позволяют организмам быстро адаптироваться к изменяющимся условиям окружающей среды. Однако, на данный момент, детали и точные механизмы наследственности модификаций остаются предметом активных исследований.</p>
58.	<p>Псевдогены, структура и механизмы их возникновения</p> <p>Ответ: Псевдогены — это участки ДНК, которые являются копиями настоящих генов, но имеют потерянную или нарушенную функциональность. Эти участки могут возникать из действующих генов, которые затем подверглись мутациям или другим процессам, приводящим к потере их функции.</p> <p>Структура псевдогенов:</p> <ol style="list-style-type: none">1. Хромосомное расположение: Псевдогены могут располагаться на тех же хромосомах или на других хромосомах, где находятся их функциональные гены, или даже вне генома.2. Потеря функции: Изменения, приводящие к потере функциональности псевдогена, могут включать делеции или инсерции, вызванные мутациями, а также ретропозиции, когда копия РНК транскрипта обратно встраивается в геном.

	<p>Механизмы возникновения псевдогенов:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Дупликация гена, за последующими мутациями приводящими к потере функции. Это может произойти в результате неправильного реплицирования ДНК, инверсии фрагментов хромосом или других генетических ошибок. 2. Ретропозиция, когда копия РНК транскрипта обратно встраивается в геном, образуя псевдоген. 3. Потеря функции пути в случаях, когда ген теряет свою функцию в результате изменений в окружающей его регуляторной среде.
59.	<p>Повторяющиеся последовательности в геноме эукариот</p> <p>Ответ: Повторяющиеся последовательности в геноме эукариот (организмов с клетками, в ядра которых упакована длинная молекула ДНК) представляют собой участки ДНК, которые повторяются несколько раз. Эти последовательности могут быть короткими, повторяющимися несколько раз (например, микроспутники), или длинными, составляющими большие участки хромосом (например, алу-последовательности).</p> <p>Существует несколько видов повторяющихся последовательностей в геноме эукариот:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Тандемные повторы: это повторяющиеся участки, которые расположены в геноме рядом друг с другом. Примерами таких тандемных повторов являются микроспутники и миниспутники, которые обычно содержат короткие повторяющиеся последовательности. 2. Дисперсные повторы: это повторяющиеся участки, которые распределены по разным участкам генома. К ним относятся интронные повторы, а также более длинные последовательности, такие как LINE (длинные интроэлементы) и SINE (короткие интроэлементы), которые являются транспозонами, способными перемещаться по геному. <p>Повторяющиеся последовательности в геноме играют важную роль в его структуре и функции. Они могут влиять на эволюцию генома, участвовать в процессах регуляции экспрессии генов, а также быть источником генетической изменчивости и мутаций. Изучение повторяющихся последовательностей в геноме позволяет лучше понять его структуру и динамику и может иметь важное значение для понимания генетических механизмов эволюции и развития организмов.</p>
60.	<p>РНК-интерференция и метилирование ДНК. Способы анализа и перспективы практического применения</p> <p>Ответ: РНК-интерференция и метилирование ДНК — это два различных генетических механизма, которые играют важную роль в регуляции экспрессии генов и эпигенетических изменений. Вот краткий обзор способов анализа и перспектив практического применения этих процессов:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. РНК-интерференция: <ul style="list-style-type: none"> - Способы анализа: Методы анализа включают в себя практики <i>si</i>РНК (<i>small interfering RNA</i>) и <i>sh</i>РНК (<i>short hairpin RNA</i>), которые, введенные в клетку, способны ингибировать экспрессию конкретных генов. Также используются методы секвенирования и картирования РНК для изучения изменений в экспрессии генов после вмешательства РНК-интерференции. - Практическое применение: РНК-интерференция имеет большой потенциал в лечении различных заболеваний, особенно генетических, включая рак, вирусные инфекции и наследственные заболевания. 2. Метилирование ДНК: <ul style="list-style-type: none"> - Способы анализа: Методы анализа включают бисульфитное секвенирование, который позволяет оценить уровень метилирования отдельных цитозинов в ДНК. Также используются методы хроматиновой иммунопреципитации (ChIP) для изучения взаимодействия метил-групп с хроматином. - Практическое применение: Понимание метилирования ДНК имеет важное значение для изучения различных биологических процессов, включая дифференциацию клеток, рак и другие заболевания. Метилирование ДНК также может представлять ценность для использования в диагностике и даже терапии различных болезней. <p>В целом, как РНК-интерференция, так и метилирование ДНК предоставляют мощные инструменты для изучения генетических и эпигенетических механизмов. Они имеют большой потенциал для практического применения в медицине, включая разработку новых терапевтических подходов и диагностических тестов.</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-2 Способен планировать работу и выбирать методы решения исследовательских задач адекватно поставленным целям с учетом широкого понимания профессиональной области и/или области обучения, в том числе на междисциплинарном уровне					
Знать	Знание последних достижений в области применения имеющихся знаний о геноме человека и наследственности в диагностической биомедицине	Изложение последних достижений в области применения имеющихся знаний о геноме человека и наследственности в диагностической биомедицине	Изложены последние достижения в области применения имеющихся знаний о геноме человека и наследственности в диагностике	Зачтено/ 60-100	Освоена (базовый)
			Не изложены последние достижения в области применения имеющихся знаний о геноме человека и наследственности в диагностике	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	Защита лабораторной работы (собеседование), решение тестовых заданий	Применение современных молекулярно-генетических методов изучения структуры и функций генома	Самостоятельно применены современные молекулярно-генетические методы изучения структуры и функций генома	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не правильно выбраны современные молекулярно-генетические методы изучения структуры и функций генома	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Владеть	Домашнее задание/реферат	Демонстрация навыков применения методов молекулярной биологии и молекулярной генетики	Приведена демонстрация навыков применения методов молекулярной биологии и молекулярной генетики	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не приведена демонстрация навыков применения методов молекулярной биологии и молекулярной генетики	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)