

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

Геномика, протеомика и эпигенетика

Направление подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль)

Микробиология

Квалификация выпускника

магистр

Воронеж

1. Цели и задачи дисциплины

Целью освоения дисциплины (модуля) «Геномика, протеомика и эпигенетика» 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-1	Способен организовывать и управлять научно-исследовательскими работами, в том числе при проведении экспериментов, оформлении рационализаторских предложений и заявок на изобретения	ИД1 _{ПКв-1} - Использует практические навыки в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
			ИД2 _{ПКв-1} - Проводит патентные исследования и определение показателей технического уровня проектируемых объектов технологии и продукции с целью оформления заявок на изобретения и промышленные образцы и патентных документов по результатам разработки новых технологических решений, технологий и новых видов продуктов питания, в том числе на высокотехнологичном оборудовании
			ИД3 _{ПКв-1} - Оформляет рационализаторские предложения по совершенствованию технологии производства новых видов продуктов питания и проводит исследования по заданной тематике, в том числе на высокотехнологичном оборудовании
			ИД4 _{ПКв-1} - Обрабатывает и анализирует полученные данные с использованием современных методов анализа информации и интерпретирует в контексте выбранной области профессиональной и/или научной сферы
2	ПКв-5	Способностью применять знания и навыки в области разработки и применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования	ИД1 _{ПКв-5} - Применяет знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности
			ИД2 _{ПКв-5} - Разрабатывает методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ПКв-1} - Использует практические навыки в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-	Знать: способы организации и управления научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания

технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания	Уметь: использовать практические навыки в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
	Владеть: практическими навыками в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
ИД2 _{ПКв-1} - Проводит патентные исследования и определение показателей технического уровня проектируемых объектов технологии и продукции с целью оформления заявок на изобретения и промышленные образцы и патентных документов по результатам разработки новых технологических решений, технологий и новых видов продуктов питания, в том числе на высокотехнологичном оборудовании	Знает: структуру патентов и их логическую взаимосвязь друг с другом
	Умеет: проводить патентные исследования и оценку технического уровня проектируемых объектов технологии и продукции Владеет: навыками самостоятельного составления заявки на изобретение РФ или на международного уровня по результатам разработки новых технологических решений, технологий и новых видов продуктов питания животного происхождения
ИД3 _{ПКв-1} - Оформляет рационализаторские предложения по совершенствованию технологии производства новых видов продуктов питания и проводит исследования по заданной тематике, в том числе на высокотехнологичном оборудовании	Знает: последовательность и условия правового оформления нетрадиционных объектов интеллектуальной собственности (в т.ч. рационализаторских предложений и секретов «ноу-хау»)
	Умеет: составлять документацию для правовой охраны нетрадиционных объектов интеллектуальной собственности (в т.ч. рационализаторских предложений и секретов «ноу-хау») по совершенствованию технологии производства новых видов продуктов питания животного происхождения
	Владеет: навыками совершенствования технологии производства новых видов продуктов питания животного происхождения за счет использования нетрадиционных объектов интеллектуальной собственности (в т.ч. рационализаторских предложений и секретов «ноу-хау»)
ИД4 _{ПКв-1} - Обрабатывает и анализирует полученные данные с использованием современных методов анализа информации и интерпретирует в контексте выбранной области профессиональной и/или научной сферы	Знает: современные методы анализа информации; - особенности основных групп прокариот и их роль в экосистемах
	Умеет: анализировать полученные данные с использованием современных методов анализа информации; ориентироваться в специальной научной и методической литературе по профилю подготовки и смежным вопросам; ориентироваться в проблемах таксономического расположения микроорганизмов, в современных направлениях в систематике бактерий и архей и популяционно-биологической и таксономической концепциях вида у прокариот; - применять полученные в ходе освоения дисциплины знания в научно-практической деятельности
	Владеет: навыками интерпретации полученных данных с использованием современных методов анализа информации; теоретическими знаниями о горизонтальном транспорте генов у прокариот, масштабах генетического обмена у бактерий и архей и эволюции бактериального генома; навыками идентификации микроорганизмов в лабораторных и производственных условиях
ИД1 _{ПКв-5} - Применяет знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности	Знает: основные проблемы биологии и микробиологии
	Умеет: применять знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности Владеет: навыками геномного редактирования в профессиональной деятельности
ИД2 _{ПКв-5} - Разрабатывает методики применения генетических	Знает: генетические технологии, в том числе геномное редактирование

технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности	Умеет: разрабатывать методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности
	Владеет: навыками геномного редактирования с профессиональной деятельности

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.*

Дисциплина является предшествующей для следующих дисциплин и практик: *Специальный практикум по микробиологии, Современные методы физико-химической биологии, Стратегия биохимической адаптации, Молекулярные методы диагностики в биологии, Современные методы производства микробных биопрепаратов, 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 2 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		2 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	37	37
Лекции	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	-	-
Практические/лабораторные занятия	18	18
<i>в том числе в форме практической подготовки</i>	18	18
Консультации текущие	0,9	0,9
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	35	35
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	9	9
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	9	9
Домашнее задание, реферат	17	17

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	Интегральные исследования геномов.	Структурные компоненты геномов. Сателлитная ДНК-основа ДНК-полиморфизма. Содержание и локализация в хромосомах, классификация. Значимость и функциональная роль сателлитной ДНК. Мобильные ДНК геномов. Строение и классификация. IS-элементы, транспозоны, вирусные и	25

		невирусные ретротранспозоны, процессированные псевдогены. Механизмы ретротранспозиции. Роль ретротранспозонов в геноме человека. Роль обратной транскрипции в эволюции геномов. Структурный анализ геномов. Анализ геномов. Низко- и высоко-разрешающее картирование. Рестрикционное картирование. Полиморфизм и молекулярные маркеры. ДНК-гибридизация и пульс-электрофорез. Хромосом-специфичные библиотеки. Создание геномной библиотеки. Построение контига. Секвенирование. Использование геномных карт для генетического анализа.	
2	Сравнительная геномика.	Внутривидовой и межвидовой анализ геномов. Геномы прокариот. Сравнение бактериальных геномов. Геномные острова бактерий: организация, функции, роль в эволюции. Минимальный набор генов. Гены-паралоги и гены-ортологи. Гены домашнего хозяйства. Геномы дрожжей. Геном нематоды. Геномы растений. Геномы приматов. Геном человека. Базовый и специфичный наборы генов в геномах эукариот. Сравнение геномов. Методы и перспективы сравнительной геномики.	23
3	Функциональная геномика.	Протеом и его динамичность. Механизмы формирования динамичности протеома. Три уровня функционирования: базовые функции белков-продуктов, физиологические функции и функции на уровне организма. Типы взаимодействия генов, лежащие в основе функционирования геномов. Методические подходы функциональной геномики и их применение. Протеом и границы функционирования геномов. Транскриптомика. Характеристика транскриптома. Создание библиотеки кДНК. Клонирование кДНК. Выделение мРНК и синтез кДНК. Технология микрочипирования и гибридизации. Скрининг геномной библиотеки с помощью гибридизационных РНК-зондов. Регуляция транскрипции. Идентификация путей модификации РНК на основе гомологии последовательностей.	23
			<i>Консультации текущие</i>
			0,9
			<i>Вид аттестации (зачет)</i>
			0,1

5.2 Разделы дисциплины и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Лекции, ак. ч	ПЗ (С), ак. ч	СРО, ак. ч
1	Интегральные исследования геномов.	6	6	13
2	Сравнительная геномика.	6	6	11
3	Функциональная геномика.	6	6	11
		<i>Консультации текущие</i>		0,9
		<i>Вид аттестации (зачет)</i>		0,1

5.2.1 Лекции

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика лекционных занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Интегральные исследования геномов.	Структурные компоненты геномов. Сателлитная ДНК-основа ДНК-полиморфизма. Содержание и локализация в хромосомах, классификация. Значимость и функциональная роль сателлитной ДНК. Мобильные ДНК геномов. Строение и классификация. IS-элементы, транспозоны, вирусные и невирусные ретротранспозоны, процессированные псевдогены. Механизмы ретротранспозиции. Роль ретротранспозонов в геноме человека. Роль обратной транскрипции в эволюции геномов. Структурный анализ геномов. Анализ геномов. Низко- и высоко-разрешающее картирование. Рестрикционное картирование. Полиморфизм и молекулярные маркеры. ДНК-гибридизация и пульс-электрофорез. Хромосом-специфичные библиотеки. Создание геномной библиотеки. Построение контига.	6

		Секвенирование. Использование геномных карт для генетического анализа.	
2	Сравнительная геномика.	Внутривидовой и межвидовой анализ геномов. Геномы прокариот. Сравнение бактериальных геномов. Геномные острова бактерий: организация, функции, роль в эволюции. Минимальный набор генов. Гены-паралоги и гены-ортологи. Гены домашнего хозяйства. Геномы дрожжей. Геном нематоды. Геномы растений. Геномы приматов. Геном человека. Базовый и специфичный наборы генов в геномах эукариот. Сравнение геномов. Методы и перспективы сравнительной геномики.	6
3	Функциональная геномика.	Протеом и его динамичность. Механизмы формирования динамичности протеома. Три уровня функционирования: базовые функции белков-продуктов, физиологические функции и функции на уровне организма. Типы взаимодействия генов, лежащие в основе функционирования геномов. Методические подходы функциональной геномики и их применение. Протеом и границы функционирования геномов. Транскриптомика. Характеристика транскриптома. Создание библиотеки кДНК. Клонирование кДНК. Выделение мРНК и синтез кДНК. Технология микрочипирования и гибридизации. Скрининг геномной библиотеки с помощью гибридационных РНК-зондов. Регуляция транскрипции. Идентификация путей модификации РНК на основе гомологии последовательностей.	6

5.2.2 Практические занятия (семинары)

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Тематика практических занятий	Трудоемкость, ак. ч
1	Интегральные исследования геномов.	Гаплотипы и гаплотипирование. Биотехнологии картирования геномов на основе гаплотипирования, использование ДНК-гаплотипирования в практике. Геномные проекты: фундаментальные задачи и практические решения. STS-картирование, получение фингопринтов, построение контигов, методологии геномного секвенирования нового поколения, секвенирование в реальном времени, РНК-секвенирование.	6
2	Сравнительная геномика.	Геноинформационные подходы для сравнения геномов. BLAST-выравнивание. Введение в биоинформатику. Банк генов и белков. Базы данных о структуре геномов. Анализ генов и выяснение их функции по структурной гомологии. Концепция гомология структур-аналогия функций.	6
3	Функциональная геномика.	Методы протеомики и транскриптомики. Выявление специфических клонов мРНК и кДНК. Блоттинг по Саузерну, Northern- и Western- блоттингов для идентификации РНК и белков. Практическое применение блот-методологии. EST выравнивание клонов для характеристики транскриптов. Введение в биоинформатику.	6

5.2.3 Лабораторный практикум не предусмотрен

5.2.4 Самостоятельная работа обучающихся

№ п/п	Наименование раздела дисциплины	Вид СРО	Трудоемкость, час
1	Интегральные исследования геномов.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	3
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	3
		Домашнее задание, реферат	7

2	Сравнительная геномика.	Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	3
		Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	3
		Домашнее задание, реферат	5
3	Функциональная геномика.	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>

Брюхин, В. Б. Функциональная генетика и геномика : учебно-методическое пособие / В. Б. Брюхин, Е. В. Андрусенко. — Санкт-Петербург : НИУ ИТМО, 2021. — 112 с. <https://e.lanbook.com/book/283718>

Протеомика с основами белковой инженерии : учебно-методическое пособие / Н. В. Громова, В. В. Ревин, Э. С. Ревина, С. И. Пиняев. — Саранск : МГУ им. Н.П. Огарева, 2021. — 156 с.: <https://e.lanbook.com/book/311660>

6.2 Дополнительная литература

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

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

Уколов, П. И. Ветеринарная генетика : учебник для вузов. — 2-е изд., стер. — Санкт-Петербург : Лань, 2022. — 372 с. <https://e.lanbook.com/book/195461>

Киселева, Т. Н. Основы генетики : учебно-методическое пособие. — Тамбов : ТГУ им. Г.Р.Державина, 2020. — 98 с. <https://e.lanbook.com/book/177094>

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

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 (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>

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»] (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 № ААА.0217.00 г. по «Бессрочно»], Libre Office 6.1 [Лицензия № ААА.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 формы обучения

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

Общая трудоемкость дисциплины (модуля) составляет 2 зачетные единицы.

Виды учебной работы	Всего ак. ч	Распределение трудоемкости по семестрам, ак. ч
		4 семестр
Общая трудоемкость дисциплины (модуля)	72	72
Контактная работа в т. ч. аудиторные занятия:	24,7	24,7
Лекции	12	12
<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	0,6	0,6
Вид аттестации (зачет)	0,1	0,1
Самостоятельная работа:	47,3	47,3
Проработка материалов по лекциям, учебникам, учебным пособиям	17	17
Подготовка к практическим/лабораторным занятиям	16	16
Домашнее задание, реферат	14,3	14,3

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ
ДЛЯ ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ**

по дисциплине

Генномика, протеомика и эпигенетика

1 Перечень компетенций с указанием этапов их формирования

№ п/п	Код компетенции	Наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
1	ПКв-1	Способен организовывать и управлять научно-исследовательскими работами, в том числе, при проведении экспериментов, оформлении рационализаторских предложений и заявок на изобретения	ИД1 _{ПКв-1} - Использует практические навыки в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
			ИД2 _{ПКв-1} - Проводит патентные исследования и определение показателей технического уровня проектируемых объектов технологии и продукции с целью оформления заявок на изобретения и промышленные образцы и патентных документов по результатам разработки новых технологических решений, технологий и новых видов продуктов питания, в том числе на высокотехнологичном оборудовании
			ИД3 _{ПКв-1} - Оформляет рационализаторские предложения по совершенствованию технологии производства новых видов продуктов питания и проводит исследования по заданной тематике, в том числе на высокотехнологичном оборудовании
			ИД4 _{ПКв-1} - Обрабатывает и анализирует полученные данные с использованием современных методов анализа информации и интерпретирует в контексте выбранной области профессиональной и/или научной сферы
2	ПКв-5	Способен применять знания и навыки в области разработки и применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования	ИД1 _{ПКв-5} - Применяет знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности
			ИД2 _{ПКв-5} - Разрабатывает методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения (показатели оценивания)
ИД1 _{ПКв-1} - Использует практические навыки в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания	Знать: способы организации и управления научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
	Уметь: использовать практические навыки в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
	Владеть: практическими навыками в организации и управлении научно-исследовательскими и производственно-технологическими работами, в том числе при проведении экспериментов в области прогрессивных технологий производства и перспективных продуктов питания
ИД2 _{ПКв-1} - Проводит патентные исследования и определение показателей технического уровня проектируемых объектов технологии и продукции с целью оформления заявок на изобретения и промышленные образцы и патентных документов	Знает: структуру патентов и их логическую взаимосвязь друг с другом
	Умеет: проводить патентные исследования и оценку технического уровня проектируемых объектов технологии и продукции
	Владеет: навыками самостоятельного составления заявки на изобретение РФ или на международного уровня по результатам разработки новых технологических решений, технологий и новых

по результатам разработки новых технологических решений, технологий и новых видов продуктов питания, в том числе на высокотехнологичном оборудовании	видов продуктов питания животного происхождения
ИД3 _{ПКв-1} - Оформляет рационализаторские предложения по совершенствованию технологии производства новых видов продуктов питания и проводит исследования по заданной тематике, в том числе на высокотехнологичном оборудовании	Знает: последовательность и условия правового оформления нетрадиционных объектов интеллектуальной собственности (в т.ч. рационализаторских предложений и секретов «ноу-хау»)
	Умеет: составлять документацию для правовой охраны нетрадиционных объектов интеллектуальной собственности (в т.ч. рационализаторских предложений и секретов «ноу-хау») по совершенствованию технологии производства новых видов продуктов питания животного происхождения
	Владеет: навыками совершенствования технологии производства новых видов продуктов питания животного происхождения за счет использования нетрадиционных объектов интеллектуальной собственности (в т.ч. рационализаторских предложений и секретов «ноу-хау»)
ИД4 _{ПКв-1} - Обрабатывает и анализирует полученные данные с использованием современных методов анализа информации и интерпретирует в контексте выбранной области профессиональной и/или научной сферы	Знает: современные методы анализа информации; - особенности основных групп прокариот и их роль в экосистемах
	Умеет: анализировать полученные данные с использованием современных методов анализа информации; ориентироваться в специальной научной и методической литературе по профилю подготовки и смежным вопросам; ориентироваться в проблемах таксономического расположения микроорганизмов, в современных направлениях в систематике бактерий и архей и популяционно-биологической и таксономической концепциях вида у прокариот; - применять полученные в ходе освоения дисциплины знания в научно-практической деятельности
	Владеет: навыками интерпретации полученных данных с использованием современных методов анализа информации; теоретическими знаниями о горизонтальном транспорте генов у прокариот, масштабах генетического обмена у бактерий и архей и эволюции бактериального генома; навыками идентификации микроорганизмов в лабораторных и производственных условиях
ИД1 _{ПКв-5} - Применяет знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности	Знает: основные проблемы биологии и микробиологии
	Умеет: применять знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности
	Владеет: навыками геномного редактирования в профессиональной деятельности
ИД2 _{ПКв-5} - Разрабатывает методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности	Знает: генетические технологии, в том числе геномное редактирование
	Умеет: разрабатывать методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности
	Владеет: навыками геномного редактирования с профессиональной деятельности

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	Интегральные исследования геномов	ПКв-1 ПКв-5	Тест	1-10	Компьютерное тестирование Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседован	31-48	Процентная шкала.

			ие (вопросы для зачета)		0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Собеседование (задания для лабораторной и практической работы)	71-80	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание	101-106	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
	Сравнительная геномика	ПКв-1 ПКв-5	Тест	11-20	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)	49-58	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)	81-91	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание	107-109	Проверка преподавателем Отметка в системе «зачтено – не зачтено»
	Функциональная геномика	ПКв-1 ПКв-5	Тест	21-30	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)	59-70	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)	92-100	Процентная шкала. 0-100 %; 0-59,99% - неудовлетворительно; 60-74,99% - удовлетворительно; 75- 84,99% -хорошо; 85-100% - отлично.
			Домашнее задание	110-120	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-5 – Способен применять знания и навыки в области разработки и применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования

№ задания	Тестовое задание с вариантами ответов и правильными ответами
1.	Какое из следующих утверждений о геноме организма является ЛОЖНЫМ? а) геном содержит генетическую информацию для построения и поддержания живого организма б) геномы клеточных организмов состоят из ДНК; в) геном способен экспрессировать заложенную в нем информацию без участия ферментов и белков; г) геномы эукариотов состоят из ядерной и митохондральной ДНК.
2.	К соматическим клеткам относят те, что: а) содержат гаплоидный набор хромосом; б) порождают гаметы; в) не имеют митохондрий; г) содержат диплоидный набор хромосом и составляют большинство клеток человека.
3.	Которое из следующих утверждений описывает поток генетической информации в клетках? а) ДНК транскрибируется в РНК, которая затем транслируется в белок;

	<p>б) ДНК транслируется в белок, который затем транскрибируется в РНК; в) РНК транскрибируется в ДНК, которая затем транслируется в белок; г) белки транслируются в РНК, которая затем транскрибируется в ДНК.</p>
4.	<p>Связями какого типа отдельные нуклеотиды молекулы ДНК соединены друг с другом? а) гликозидными; б) пептидными; в) фосфодиэфирными; г) электростатическими.</p>
5.	<p>Определение транскриптома клетки формулируется как а) все молекулы РНК, присутствующие в клетке; б) кодирующие белок молекулы РНК, присутствующие в клетке; в) молекулы рибосомной РНК, присутствующие в клетке; г) молекулы транспортной РНК, присутствующие в клетке.</p>
6.	<p>Функциональная РНК какого типа является главным компонентом структур, необходимых для синтеза белка? а) матричная РНК; б) рибосомная РНК; в) малая ядерная РНК; г) транспортная РНК.</p>
7.	<p>Которое из следующих утверждений относится к вырожденности генетического кода? а) каждый кодон может определять более одной аминокислоты; б) большинство аминокислот имеет более одного кодона; в) есть несколько старт-кодонов; г) стоп-кодона могут кодировать также и аминокислоты</p>
8.	<p>Какие из следующих ферментов используются для расщепления молекул ДНК? а) ДНК-полимеразы; б) нуклеазы; в) лигазы; г) киназы.</p>
9.	<p>Что такое псевдоген? а) ген, который экспрессируется только на некоторых стадиях развития; б) функционально неактивный ген; в) ген, который содержит мутацию, но все еще функционально активен; г) последовательность ДНК, которая медленно эволюционирует на пути становления активным геном.</p>
10.	<p>Какая область хромосомы эукариотов характеризуется самой высокой плотностью генов? а) центромера; б) уплотненный гетерохроматин; в) эухроматин; г) теломера.</p>
11.	<p>Что такое плаزمид? а) маленькая, обычно кольцевая молекула ДНК, которая независима от основной хромосомы; б) маленькая, обычно кольцевая молекула ДНК, которая содержит незаменимые гены; в) маленькая, обычно кольцевая молекула ДНК, которая стабилизирует бактериальную хромосому; г) доядерный вирус, который может заразить бактериальные клетки.</p>
12.	<p>Наименьший бактериальный геном — несколько сотен тысяч п.н. в длину, тогда как митохондриальный геном человека — менее 17 000 п.н. Каким из следующих факторов обусловлен меньший размер митохондриального генома? а) митохондриальный геном человека потерял свои кодирующие белок гены; б) митохондриальный геном человека потерял свои гены функциональной РНК; в) митохондриальный геном человека функционально не активен и представляет собой эволюционный реликт; г) гены из митохондриального генома человека переместились в ядро.</p>
13.	<p>В какого типа жизненном цикле бактериофага клетка хозяина убивается вскоре после первичного заражения; а) литическом; б) лизогенном; в) умеренном г) профага.</p>

14.	<p>Назовите исследователя, который впервые опознал транспозоны, и организм, который он (или она) изучал:</p> <p>а) Дэвид Балтимор и ретровирусы; б) Барбара Макклинток и кукуруза; в) Томас Хант Морган и плодовая мушка; г) Крейг Вентер и человек.</p>
15.	<p>Какая из следующих РНК-полимераз отвечает за транскрипцию кодирующих белок генов у эукариотов?</p> <p>а) РНК-полимераза I; б) РНК-полимераза II в) РНК-полимераза III г) РНК-полимераза IV</p>
16.	<p>Какова цель выполнения поиска гомологии последовательности ДНК?</p> <p>а) определить, присутствуют ли в базах данных ДНК какие-либо гены с подобными последовательностям б) определить, находится ли уже данная последовательность в базе данных; в) искать согласованные экзонинтронные границы; г) определить отклонение частоты использования кодонов в определенном гене.</p>
17.	<p>Какая из следующих формулировок является правильным определением синтении?</p> <p>а) процент идентичности нуклеотидных последовательностей двух геномов; б) процент идентичности аминокислотных последовательностей, кодируемых двумя геномами; в) консервативность порядка следования генов в двух геномах; г) консервативность функций генов в двух геномах.</p>
18.	<p>Размножение мРНК посредством ПЦР называют:</p> <p>а) ПЦР в режиме реального времени; б) ревертазная ПЦР в) транскрипционная ПЦР; г) трансляционная ПЦР.</p>
19.	<p>По определению гомологичные гены — это гены, которые:</p> <p>а) имеют общую функцию; б) имеют общего эволюционного предка; в) экспрессируются в подобных условиях; г) имеют по крайней мере 50%-ю идентичность последовательностей нуклеотидов</p>
20.	<p>Почему инактивация — полезный метод определения функции гена?</p> <p>а) инактивация генов дает информацию об экспрессии исследуемого гена; б) инактивация генов дает информацию о местоположении продукта исследуемого гена в клетке; в) инактивация генов дает возможность опознать изменения фенотипа, связанные с потерей функционального гена; г) инактивация генов дает информацию о структуре продукта исследуемого гена.</p>
21.	<p>Зародышевые стволовые клетки мыши используются в экспериментах с инактивацией генов, потому что они:</p> <p>а) могут быть клонированы, чтобы дать начало устойчивой клеточной линии; б) являются химерными и производят клетки, гетерозиготные по исследуемому гену; в) являются единственными клетками мыши, которые можно генетически конструировать, с целью инактивации генов; г) являются полуфункциональными и способны дать начало дифференцированным клеткам всех типов.</p>
22.	<p>Которым из следующих методов работает РНК-интерференция</p> <p>а) использование антисмысловых молекул РНК, с тем чтобы блокировать трансляцию молекул мРНК; б) использование ингибиторов РНК-полимеразы, с тем чтобы блокировать транскрипцию определенных генов; в) использование коротких молекул двунизовой РНК, которые вызывают деградацию молекулы мРНК г) использование видоизмененных молекул тРНК, с тем чтобы блокировать трансляцию молекул мРНК.</p>
23.	<p>Вид хроматографии, в ходе которой белок связывается со смолой и помещается в колонку, с тем чтобы определить, какие белки с ним связываются, называется:</p> <p>а) хроматографией с гелем-фильтрацией;</p>

	б) ионообменной хроматографией; в) аффинной хроматографией ; г) изоэлектрической хроматографией.
24.	По какому принципу гены группируются при иерархической группировке? а) по картинам экспрессии ; б) по гомологии; в) по сходству последовательностей; г) по подобию белковых доменов.
25.	Взаимодействия типа кодон-антикодон происходят за счет: а) ковалентных связей; б) электростатических взаимодействий; в) водородных связей ; г) гидрофобных взаимодействий.
26.	Как происходит сдвиг рамки считывания во время трансляции? а) рибосома транслирует молекулу мРНК, в которой находится лишний или отсутствует необходимый нуклеотид; б) рибосома пропускает кодон во время трансляции молекулы мРНК; в) рибосома делает паузу в ходе трансляции и сдвигается обратно или вперед на один нуклеотид и затем продолжает трансляцию ; г) рибосома завершает трансляцию в кодоне, который обычно определяет некоторую аминокислоту.
27.	Которая из следующих формулировок служит определением термина "дифференцировка"? а) изменения в экспрессии генома, которые не изменяют протеом клетки; б) непостоянные изменения в активности генома клетки в ответ на внеклеточные факторы; в) согласованный ряд изменений, которые происходят в ходе жизненного цикла клетки; г) принятие специализированной физиологической роли клеткой
28.	Какое из следующих событий не служит механизмом, которым сигнальная молекула, как известно, влияет на экспрессию генома, будучи импортирована в клетку? а) некоторые сигнальные молекулы метилируют последовательности ДНК, с тем чтобы подавить определенные гены; б) некоторые сигнальные молекулы представлены белками, которые выполняют функцию регуляторов экспрессии генома; в) некоторые сигнальные молекулы напрямую влияют на активность регуляторных белков в клетке ; г) некоторые сигнальные молекулы влияют на активность регуляторных белков в клетке косвенно, через промежуточные молекулы
29.	Что собой представляют молекулы вторичных посредников? а) это гормоны, которые открывают путь передачи сигналов; б) это рецепторы, которые связываются с гормонами и активируют путь; в) это внутренние молекулы, которые передают сигнал внутри клетки ; г) это активаторы транскрипции, которые действуют в конце пути
30.	Какой уровень структуры белка описывает свернутую конформацию много субъединичного белка? а) первичная структура; б) вторичная структура; в) третичная структура ; г) четвертичная структура.

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-5 – Способен применять знания и навыки в области разработки и применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования

Номер вопроса	Текст вопроса
31.	<p>Геномика: цели, задачи, основные направления.</p> <p>Ответ: Геномика — раздел молекулярной генетики, посвящённый изучению генома и генов живых организмов, всей совокупности генов организма или значительной их части. Основная цель геномики как науки - изучение генов с известной структурой для понимания их функции, а также определение пространственного строения максимального числа «ключевых» белковых молекул и его влияния на взаимодействия. Исходная задача геномики - определение полногеномной последовательности нуклеотидов, а также картирование и упорядочение генетических структур на всей последовательности ДНК. Выделяют 6 основных направлений геномики - функциональная, структурная, эпигеномика, сравнительная и эволюционная геномика, популяционная геномика и метагеномика. Функциональная геномика раскрывает весь путь реализации генома: от генов к определенным белкам и особенностям организма. Эпигеномика исследует совокупности эпигенетических модификаций — факторов не меняющих последовательность оснований в ДНК, но от которых зависит работа генов. Сравнительная и эволюционная геномика направлена на работу с большими наборами геномов разных организмов, сравнивают их организацию и состав, выявляют геномные перестройки. Структурная геномика исследует трехмерную структуру белка. В популяционной геномике изучают структуру генофонда популяции, его динамику во времени и причины изменчивости, ищут полиморфизмы, устанавливают связи между генетическими вариантами, фенотипом и средой обитания популяции. Метагеномика использует генетические материалы организмов, полученные из образцов окружающей среды для анализа видового состава, филогении и разнообразия сообществ по данным секвенирования.</p>
32.	<p>Геном человека и протеомика.</p> <p>Ответ: Геном человека — совокупность наследственного материала, заключённого в клетке человека. Человеческий геном состоит из 23 пар хромосом, находящихся в ядре, а также множества копий митохондриальной ДНК. В ходе выполнения проекта «Геном человека» была определена последовательность ДНК всех хромосом и митохондриальной ДНК. Полное секвенирование генома человека, не учитывая некоторые фрагменты Y-хромосомы, было завершено в 2022 году. Было установлено, что человеческий геном содержит 19 969 активных генов, это составляет лишь очень небольшую часть генома, только 1,5 % всего генетического материала кодирует белки или функциональные РНК. Всего же насчитывается 63 494 генов, большинство из которых являются генами некодирующей РНК, которую часто называют мусорной ДНК, но которая играет важную роль в регуляции активности генов (тандемные и диспергированные повторы, транспозоны, псевдогены). Протеомика — область молекулярной биологии, посвящённая идентификации и количественному анализу белков. Объектом изучения протеомики являются белки, которые экспрессируются в клетке, ткани или организме в данный момент времени (то есть протеом). Протеомика предусматривает изучение функциональных особенностей, локализации и строения белковых молекул. Кроме того, эта отрасль генетики занимается уточнением характера взаимодействий белков, как расположенных в клетке, так и снаружи клеточных структур. При изучении человеческого протеома наукой протеомикой было выявлено, что один ген в состоянии кодировать не одну тысячу белковых молекул. Поэтому сравнительная геномика позволяет идентифицировать в человеческом протеоме не менее миллиона белков, которые можно сравнивать между отдельными организмами.</p>
33.	<p>Метагеномное секвенирование.</p> <p>Ответ: Метагеномика - это раздел молекулярной генетики, который изучает набор генов всех микроорганизмов, находящихся в образце среды - метагеном. Метагеномный анализ позволяет определить видовое разнообразие исследуемого образца без необходимости выделения и культивирования микроорганизмов, а также функциональный профиль микробных сообществ. Суть такого анализа в секвенировании гена 16S рРНК, который отвечает за работу рибосомальной РНК, или в секвенировании всей ДНК. Под исследованием микробиоты обычно имеют в виду именно этот тип анализа, потому что его первым стали масштабно использовать для изучения бактерий. Основным преимуществом использования метагеномного подхода является учёт не только культивируемых микроорганизмов, но и некультивируемых. Оказалось, что такие организмы вносят основной вклад в видовое разнообразие сообществ. Метагеномика позволяет детально изучить разнообразие сообществ, а значит и выяснить механизмы их функционирования, определить метаболические взаимосвязи. Методы секвенирования нового поколения позволяют получить последовательности практически всех генов</p>

	каждого микроорганизма сообщества.
34.	<p>Биоинформатический анализ данных метагеномного секвенирования.</p> <p>Ответ: Данные, полученные в результате метагеномного эксперимента, содержат огромное количество информации и шума, так как они представляют из себя фрагменты последовательностей ДНК, принадлежащих тысячам и десяткам тысяч разных видов. Сбор, курирование и извлечение полезной биологической информации из наборов данных такого размера представляют из себя сложные вычислительные задачи, которые могут быть решены с помощью биоинформатики. Первый этап метагеномного анализа заключается в предварительной фильтрации данных. Он включает удаление избыточных и некачественных последовательностей. Для метагеномов, полученных из организмов животных, важно удаление последовательностей эукариотического происхождения. Далее происходит сборка последовательностей, т.к. метагеномные эксперименты обеспечивают более низкое покрытие, а использование для анализа методов секвенирования нового поколения приводит к ограничению на длину секвенируемой последовательности. Осуществляется с помощью программ Phrap или Celera Assembler. Затем происходит поиск кодирующих последовательностей. В метагеномном анализе для аннотации кодирующих последовательностей после сборки, используются два основных подхода. В их основе лежит поиск гомологичных аннотированных генов обычно с помощью BLAST, GeneMark и GLIMMER. Следующий этап заключается в определении видового состава. Процесс соотнесения определенных генов, а значит и функций, которые они могут выполнять, с определенными видами организмов называется биннинг. Он реализуется с помощью метода BLAST через поиск похожих генов, для которых известно, какому организму они принадлежат. Этот подход реализован в программе MEGAN и RhytmBL. Затем проводят интеграцию данных для обеспечения воспроизводимости эксперимента. Они включают в себя информацию о географии исследуемого образца, особенностях окружающей среды, физические данные, а также методику отбора проб. Завершается биоинформатический анализ данных этапом сравнительной метагеномики. Основная цель сравнительной метагеномики заключается в определении групп микроорганизмов, которые определяют характеристики конкретного участка окружающей среды. Эти характеристики являются результатом взаимодействий групп микроорганизмов. С этой целью была разработана программа Community-Analyzer.</p>
35.	<p>Комбинированный алгоритм анализа таксономического состава сообщества.</p> <p>Ответ: Праймеры по-разному амплифицируют 16S rРНК разных микроорганизмов и смогут существенно исказить реальное соотношение бактерий в образце. В то же время, метагеном как метод гораздо менее чувствителен к минорным представителям сообщества и контиги получаются только для доминирующих видов. Поэтому оптимальным представляется комбинированный алгоритм, сочетающий в себе как чтение коротких переменных участков, так и метагеномное секвенирование. Такой подход к анализу таксонов включает в себя этапы в следующей последовательности: секвенирование короткого переменного участка, секвенирование метагенома, анализ прочтений 16S rРНК в метагеноме и их классификация, удаление из результатов всех не классифицированных данных, анализ сообществ по кратности прочтений контигов с 16S rРНК, сопоставление результатов двух подходов. В качестве дополнительных информативных шагов можно распределить контиги между микроорганизмами (например, по покрытию или частоте встречаемости тетрауклеотидов).</p>
36.	<p>Подходы сравнения метагеномов между собой.</p> <p>Ответ: Некоторые биологические задачи предполагают исследование схожих, но территориально разделенных сообществ микроорганизмов. Например, сравнение образцов из разных буровых скважин или микробиоты кишечника разных людей. Кроме сопоставления видового состава сообщества и процентного соотношения микроорганизмов в ряде задач имеет смысл исследовать генетическое разнообразие отдельных видов бактерий в сообществе, пользуясь нуклеотидным полиморфизмом. Например, для микробиоценозов человека можно обнаружить, что в разных странах или при разных физиологических состояниях человека бактерии одного вида в сообществе могут быть очень далеки филогенетически.</p>
37.	<p>Высоко производительные методы анализа геной экспрессии (примеры, характеристика).</p> <p>Ответ: Экспрессия генов - это процесс, в ходе которого наследственная информация от участка ДНК преобразуется в функциональный продукт - РНК или белок. При этом, регуляция экспрессии генов позволяет клеткам контролировать свои структурные и функциональные особенности. Основными способами определения экспрессии генов в данное время являются секвенирование РНК, содержащих поли-А хвост (мРНК), а также применение экспрессионных ДНК-микрочипов. Секвенирование РНК становится всё</p>

	<p>более распространённым методом в связи с усовершенствованием методов секвенирования нового поколения. Секвенирование РНК не только позволяет определить уровень экспрессии каждого белок-кодирующего гена в геноме, но и различать варианты мРНК, получающиеся в результате альтернативного сплайсинга. Количественный анализ экспрессии генов - анализ транскриптома, измерение транскрипционной активности гена с помощью определения количества его продукта, матричной РНК (мРНК), универсальной для большей части генов. Количественный анализ экспрессии генов проводится на нескольких уровнях и с разными целями: для определения изменений экспрессии отдельного гена в зависимости от условий эксперимента (обработки образца); для кластерного анализа генов по общей функциональности, взаимодействию, совместной регуляции. В данном случае используют методы сокращения размерности и методы визуализации. Как пример: метод главных компонент и кластеризация. Анализируют последовательности ДНК для нахождения регуляторных районов, мотивов; для выявления и понимания сетей взаимодействия генов и белков, отвечающих наблюдаемым результатам измерения.</p>
38.	<p>Понятие регуляторной геномики Ответ: На смену методам анализа транскриптома с помощью экспрессионных микрочипов приходят методы секвенирования полных транскриптомов клеток и тканей, дающие существенно более точные оценки уровня экспрессии транскриптов. Растет количество данных, полученных с использованием новых высокопроизводительных методов для идентификации стартов транскрипции, анализа модификаций гистонов и связывания хроматина с транскрипционными факторами и для выявления сайтов гиперчувствительности, соответствующих открытому хроматину. Эти и другие методы получения качественно новых знаний о транскрипционном уровне регуляции активности генов способствовали бурному развитию исследований в области регуляторной геномики и накоплению огромных объемов экспериментальных данных высокой сложности. Постоянно растущий интерес к изучению механизмов транскрипционного контроля экспрессии генов объясняется тем, что транскрипция является ключевым событием, инициирующим сложный многостадийный процесс экспрессии генов эукариот, включающий помимо транскрипции такие этапы, как процессинг РНК, трансляция, посттрансляционная модификация белка и т.д.</p>
39.	<p>Сравнительная геномика. Сравнение последовательностей. Консенсусные и консервативные последовательности. Ответ: Сравнительная геномика (эволюционная) - сравнительные исследования содержания и организации геномов разных организмов. Получение полных последовательностей геномов позволило пролить свет на степень родства и различий между геномами разных живых организмов. Эта дисциплина направлена на выявление эволюции видов, функций генов, механизмов регуляции генов на уровне генома путем выявления структур последовательностей и элементов, которые сохраняются или дифференцируются у разных видов. В процессе эволюции последовательности претерпевают множественные мутационные события потери и приобретения протяженных кусков последовательности. Поэтому при сравнении нескольких гомологичных последовательностей возникает задача установления соответствия друг другу отдельных протяженных участков последовательностей, т.е. речь идет о выравнивании последовательностей. Главными целями является соизмерение сходства последовательностей и установление соответствия между нуклеотидами или аминокислотными остатками, выявления консервативных и переменных областей, установление эволюционной взаимосвязи. Это основной инструмент биоинформатики. Консенсусная последовательность - искусственная последовательность ДНК или РНК, содержащая в каждой позиции нуклеотид, наиболее часто встречающийся у нескольких гомологичных последовательностей. Она представляет собой результат множественного выравнивания последовательностей, в которых гомологичные последовательности сравниваются друг с другом. Консервативные последовательности - схожие или идентичные последовательности, встречающиеся в биологических полимерах: нуклеиновых кислотах, первичной и пространственной структурах белков, полисахаридах как в пределах особей разных видов, так и в пределах одной особи.</p>
40.	<p>Эволюционная геномика. Ортологи. Паралоги. Ксенологи. Понятие о гаплотипе. Ответ: Сравнительная геномика (эволюционная) - сравнительные исследования содержания и организации геномов разных организмов. Получение полных последовательностей геномов позволило пролить свет на степень родства и различий между геномами разных живых организмов. Гомология последовательностей - это биологическая гомология между ДНК, РНК или последовательностями белка, определенная в условия общего происхождения в эволюционной истории жизни. Два</p>

	<p>сегмента ДНК могут иметь общее происхождение из-за трех явлений: либо событие видообразования - ортологи, либо событие дублирования - паралоги, либо событие горизонтального переноса гена - ксенологи. Паралоги - это гомологичные белки, принадлежащие одному организму. Они возникают в результате дубликации гена и могут разойтись в процессе эволюции настолько, что начнут выполнять разные функции. Ортологи - это гомологичные белки из разных организмов, разошедшиеся в процессе видообразования и выполняющие одну и ту же функцию. Ксенологи - гомологичные ДНК-последовательности в геномах различных видов при ненаследственном переносе генетического материала между организмами. В общем случае под гаплотипом понимают совокупность аллелей на одной хромосоме, которые обычно наследуются вместе. В случае парных хромосом у каждого человека для каждой пары хромосом два гаплотипа, наследуемых от отца и от матери. В каждый гаплотип могут входить полиморфные участки с разным количеством повторов одного и того же фрагмента (STR), с заменами нуклеотидов (SNP) и другими вариантами. Группа родственных гаплотипов объединяются в понятие гаплогруппа.</p>
41.	<p>Происхождение и эволюция генов, геномов, организмов. Генные дубликации и «тасующиеся» экзоны.</p> <p>Ответ: Общие принципы организации наследственного материала, представленного нуклеиновыми кислотами, а также принципы записи генетической информации у про- и эукариот свидетельствуют в пользу единства их происхождения от общего предка, у которого уже была решена проблема самовоспроизведения и записи информации на основе репликации ДНК и универсальности генетического кода. Молекулярная эволюция, т.е. эволюция генов, занимается механизмами накопления изменений молекулами, и механизмами закрепления этих изменений в популяциях. Эволюция генома связана с нарастающим увеличением количества ДНК в процессе прогрессивной эволюции. Увеличение размера генома происходит путем полиплоидизации, возникновения тандемно повторяющихся участков ДНК. Эволюция организмов происходит посредством изменения наследственных признаков организма. Протекающие в течение длительного времени эволюционные процессы могут привести как к образованию новых видов и их дальнейшей дивергенции, так и к вымиранию целых видов. Дубликация - разновидность хромосомных перестроек, при которой участок хромосомы оказывается удвоенным. Может произойти в результате неравного кроссинговера, ошибки при гомологичной рекомбинации, ретротранспозиции. Дубликации могут происходить в пределах одной и той же хромосомы или возникать в результате переноса копии участка хромосомы на другую хромосому. Дубликация генов с последующим разделением функций между копиями - один из главных способов появления новых признаков. Перетасовка экзонов - это молекулярный механизм образования новых генов. Это процесс, посредством которого два или более экзонов из разных генов могут быть объединены эктопически или один и тот же экзон может быть продублирован для создания новой структуры экзон-интрон.</p>
42.	<p>Мультигенные семейства.</p> <p>Ответ: Мультигенные семейства - гены, представленные в геноме множеством сходных копий или ограниченным набором дублицированных и дивергированных в разной мере последовательностей. Число генов в разных семействах у представителей разных видов варьирует от единиц до нескольких сотен. Мультигенные семейства могут быть организованы в геноме по-разному. Так, члены семейства идентичных генов РНК у человека располагаются в виде тандемных повторов, в которых структурные гены разделены некодирующими - спейсерными - участками. Однако гены семейства не всегда идентичны. Например, в семействах глобиновых генов тандемно сцеплены близкие, но не одинаковые гены. В случае гистоновых генов у некоторых видов тандемно повторяются целые пакеты (кластеры) неидентичных генов, определяющих синтез разных видов гистонов. Описанные варианты организации мультигенных семейств создают необходимые условия для эффективной регуляции экспрессии соответствующих генов. Так, если продукт определенного гена необходим лишь на небольшом отрезке времени в онтогенезе, но в значительных количествах, мультигенное семейство образовано большим числом идентичных генных копий, обычно соединенных тандемно. Переключение генов в мультигенных семействах происходит не только в соответствии со стадией индивидуального развития, но и с типом и местом локализации клеток в организме.</p>
43.	<p>Теория молекулярных часов и филогенетические деревья. Построение и анализ филогенетических деревьев.</p> <p>Ответ: Молекулярные часы - метод датирования филогенетических событий (расхождений видов или других таксонов), основанный на гипотезе, согласно которой</p>

	<p>эволюционно значимые замены мономеров в биомолекулах происходят с практически постоянной скоростью. Обычно для подобных вычислений используются нуклеотидные последовательности ДНК и аминокислотные последовательности белков. Скорость мутаций может быть неравномерной и различается для разных видов, из-за чего метод дает лишь приблизительные результаты. В тех случаях, когда ископаемых остатков интересующих организмов нет, молекулярные часы являются единственным источником данных о родстве таксонов и времени их расхождения. Филогенетическое дерево - дерево, отражающее эволюционные взаимосвязи между различными видами или другими сущностями, имеющими общего предка. Филогенетические деревья, как правило, реконструируются по последовательностям белков или нуклеиновых кислот. Методы построения дерева могут быть оценены по нескольким основным показателям: эффективность, полезность, воспроизводимость, устойчивость к ошибкам и выдача предупреждений. Деревья строятся по произвольному числу входных последовательностей с использованием специальных вычислительных алгоритмов. Наиболее достоверной мерой соответствия данного набора выровненных последовательностей данной топологии дерева считается мера, основанная на принципе наибольшего правдоподобия. Среди бесплатных пакетов филогенетического анализа большим набором реализованных алгоритмов выделяется PHYLIP, среди платных - RAUP. Для редактирования и визуализации готовых деревьев наиболее часто используются программы FigTree, TreeView.</p>
44.	<p>Цели, задачи и возможности направленного редактирования геномов. Ответ: Редактирование генома является одним из видов генной инженерии, в котором может быть проведено включение, удаление или перемещение фрагментов ДНК в геноме организма, с использованием специфически спроектированных эндонуклеаз, или «молекулярных ножниц». Эти нуклеазы создают сайт-специфичные двухцепочечные разрывы в ДНК в определенном участке генома. Индуцированные двухцепочечные разрывы репарируются в процессе рекомбинации, что позволяет получать направленные мутации. В этом методе используются 4 типа нуклеаз: мегануклеазы, нуклеазы с цинковыми пальцами, нуклеазы TALEN, и система CRISPR-Cas. Программируемые нуклеазы применяются для разработки терапевтических препаратов. Методы геномного редактирования активно применяются в фундаментальных и прикладных исследованиях. Наиболее эффективным и простым методом геномного редактирования является использование системы CRISPR/Cas9, которая состоит из двух компонентов направляющей РНК и белка нуклеазы. Редактирование генома имеет огромный потенциал для изучения и модификации генов, связанных с болезнями.</p>
45.	<p>Сайт специфические нуклеазы как инструменты для внесения направленных изменений в геном. Ответ: Сайт-направленный мутагенез является методом молекулярной биологии, который используется, чтобы создать конкретные и преднамеренные изменения в последовательности ДНК, гена и продуктов генов. Используется для исследования структуры и биологической активности ДНК, РНК и белков, а также для белковой инженерии. Сайт-направленный мутагенез является одним из наиболее важных лабораторных методов для введения мутаций в последовательность ДНК. Существуют многочисленные способы для достижения сайт-направленного мутагенеза, но в связи с уменьшением стоимости синтеза олигонуклеотидов, искусственный синтез генов в настоящее время иногда используется в качестве альтернативы сайт-направленного мутагенеза. Развитие технологии CRISPR/Cas9 на основе прокариотической противовирусной системы позволило редактировать геном, и мутагенез может быть выполнен относительно легко in vivo. Сайт-направленный мутагенез используется для генерации мутаций, которые могут давать рационально разработанный белок, который имеет улучшенные или специальные свойства. Поскольку стоимость синтеза ДНК олигонуклеотидов падает, искусственный синтез полного гена в настоящее время является жизнеспособным методом для введения мутации в ген. Этот метод позволяет обширный мутагенез многих сайтов, включая полную реконструкцию использования кодонов гена, чтобы оптимизировать его для конкретного организма.</p>
46.	<p>Метод «Цинковых пальцев» (Zink Finger), принцип метода. Ответ: Цинковый палец - небольшой структурный мотив белка, стабилизированный одним или двумя ионами цинка, связанными координационными связями с аминокислотными остатками в составе белка. Как правило, цинковый палец включает около 20 аминокислот, ион цинка связывает 2 гистидина и 2 цистеина. Цинковые пальцы являются белковыми модулями, взаимодействующими с ДНК, РНК, другими белками или небольшими молекулами. Основными группами белков с цинковыми пальцами являются ДНК-связывающие факторы транскрипции, а также искусственные ферменты рестрикции,</p>

	<p>получаемые слиянием ДНК-связывающего домена цинкового пальца с ДНК-разрезающим доменом нуклеазы. Домен цинкового пальца может быть спроектирован так, чтобы узнавать желаемую последовательность ДНК и связываться с ней. Они содержатся в различных белках, включая факторы транскрипции, ДНК-связывающие белки и ферменты. Они необходимы для многих биологических процессов, например, для восстановления ДНК, управления работой генов и взаимодействия с другими белками. Цинковые пальцы могут присоединяться к факторам транскрипции и притягивать их к области гена, которую необходимо отрегулировать.</p>
47.	<p>Метод TALEN, принцип метода, функция белков TAL (transcription activator-like effectors), особенность домена RVD (от англ. «repeat-variable di-residue»).</p> <p>Ответ: Белки TALE состоят из центрального домена, ответственного за связывание с ДНК, сигнала ядерной локализации и домена, который активирует транскрипцию гена-мишени. ДНК-связывающий домен состоит из мономеров, каждый из которых связывает один нуклеотид в целевой нуклеотидной последовательности. Мономеры представляют собой тандемные повторы 34 аминокислотных остатков, два из которых расположены в положениях 12 и 13 и являются высоковариабельными (RVD), и именно они отвечают за распознавание конкретного нуклеотида. Некоторые RVD могут связываться с несколькими нуклеотидами с разной эффективностью. После расшифровки кода распознавания ДНК белками TALE, были начаты первые исследования по конструированию химерных нуклеаз TALEN. С этой целью последовательность, кодирующая ДНК-связывающий домен TALE, была введена в плазмидный вектор. Это привело к созданию генетических конструкций, экспрессирующих искусственные химерные нуклеазы, которые содержат ДНК-связывающий домен и каталитический домен эндонуклеазы рестрикции FokI. Эта система позволяет путем комбинирования мономеров ДНК-связывающего домена с различными RVD сконструировать искусственные нуклеазы, мишенью для которых может быть любая нуклеотидная последовательность. TALENs работают парами, и места их связывания выбраны таким образом, что они расположены на противоположных цепях ДНК и разделены спейсерной последовательностью. Попадая в ядро, искусственные нуклеазы связываются с сайтами-мишенями: домены FokI, расположенные на С-концах химерного белка, димеризуются, вызывая двухцепочечный разрыв в спейсерной последовательности.</p>
48.	<p>CRISPR (от англ. Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) как новейший метод редактирования генома.</p> <p>Ответ: CRISPR - особые локусы бактерий и архей, состоящие из прямых повторяющихся последовательностей, которые разделены уникальными последовательностями – спейсерами. Спейсеры заимствуются из чужеродных генетических элементов, с которыми сталкивалась клетка (бактериофагов, плазмид). РНК, транскрибирующиеся с локусов CRISPR, совместно с ассоциированными белками Cas обеспечивают адаптивный иммунитет за счёт комплементарного связывания РНК с нуклеиновыми кислотами чужеродных элементов и последующего разрушения их белками Cas. Впрочем, к настоящему моменту имеется немало свидетельств участия CRISPR в процессах, не связанных с иммунитетом. Использование методик CRISPR-Cas для направленного редактирования геномов является перспективным направлением в современной генной инженерии. Учёные широко используют подходы, основанные на системах CRISPR-Cas. Начиная с 2023 года эти подходы начали применяться в медицине для лечения наследственных заболеваний. Также CRISPR-Cas имеет значение для адресной доставки лекарств и их высвобождения при внешнем воздействии - для этого используются материалы, в состав которых входят участки ДНК.</p>
49.	<p>Вариабельность генома. Типы вариабельности последовательности ДНК. Мутации и полиморфизмы</p> <p>Ответ: Последовательность ДНК в геноме человека не есть постоянная раз и навсегда установленная величина. Вариации последовательности ДНК в геноме довольно условно принято делить на мутации и полиморфизм. Мутация – случайно возникшие, стойкие изменения генетического материала, происходящие спонтанно или под влиянием каких-либо факторов. Спонтанный мутационный процесс – важный источник появления новых аллелей, приводящий к увеличению генетического разнообразия популяций. Мутация является скачкообразным стойким качественным изменением. Они разнонаправленные (полезные и вредные) и могут повторяться. Выявляемость мутаций зависит от выборки изучаемых организмов. Их можно классифицировать по характеру изменения генотипа: генные (точечные), хромосомные перестройки – изменение структуры хромосом, изменения числа наборов хромосом (пример – полиплоидия); по характеру изменения фенотипа (летальные, морфологические, физиологические, биохимические, поведенческие); по проявлению в гетерозиготе (доминантные, рецессивные); по условиям</p>

	<p>возникновения (спонтанные индуцированные); по локализации в клетке (ядерные, цитоплазматические); по возможности наследования (генеративные, соматические). Полиморфизм - это наличие нескольких наследственных вариантов, наиболее редкий из которых встречается с частотой, превышающей частоту обратного мутирования. На практике, признак или маркер считают полиморфным, если наиболее редкий вариант встречается чаще, чем в 1% наблюдений. Среди типов полиморфизма генома встречаются SNPs (однонуклеотидный полиморфизм), инсерции-делеции. Еще один вид variability генома – мобильные генетические элементы. Это последовательности ДНК, которые могут перемещаться внутри генома.</p>
50.	<p>Современные технологии секвенирования ДНК (характеристика, примеры) Ответ: Секвенирование нового поколения (NGS) - группа методов определения нуклеотидной последовательности ДНК и РНК для получения формального описания её первичной структуры. Технология методов секвенирования нового поколения позволяет «прочитать» одновременно сразу несколько участков генома, что является главным отличием от более ранних методов секвенирования. Применение NGS не ограничивается определением геномных последовательностей, а распространяется до изучения транскриптома, структуры хроматина и других областей молекулярной и клеточной биологии. Благодаря NGS появилась возможность делать ранее технически недоступные эксперименты, среди которых полногеномный анализ - для развития персонализированной медицины и исследования неизученных вирусов, грибов, животных и растений с прикладными и фундаментальными целями; RNA-Seq - для оценки качественной и количественной экспрессии генов. Анализу подвергается работа генома в разных органах, клетках и тканях; метагеномное секвенирование - для изучения бактериального разнообразия в различных средах и образцах; ChIP-Seq - для понимания влияния транскрипционных факторов на экспрессию генов, а через нее на физиологические и фенотипические особенности; RRBS - для определения метилирования в геноме и его участках; таргетное секвенирование - для секвенирования отдельных участков с целью снижения стоимости эксперимента и увеличения количества анализируемых образцов. Примером может служить HLA-типирование, проводимое при трансплантации, патологиях беременности, аутоиммунных заболеваниях для изучения генов, ответственных за распознавание организмом своих и чужих клеток. Секвенирование нового поколения заняло важное место в клинической генетике, позволяя улучшить диагностику и процесс лечения пациентов с наследственными заболеваниями в таких областях, как неврология, кардиология, иммунология, офтальмология, нефрология, болезни обмена веществ и др. Можно исследовать последовательность без клинической информации в целях, например, скрининга носительства рецессивных заболеваний.</p>
51.	<p>Ключевые понятия, принципы и направления протеомики Ответ: Протеомика - область молекулярной биологии, посвящённая идентификации и количественному анализу белков. Объектом изучения протеомики являются белки, которые экспрессируются в клетке, ткани или организме в данный момент времени, т.е. протеом. Основная задача протеомики заключается в идентификации новых белков и их количественном анализе. Методологически в протеомике выделяют несколько направлений, главными среди которых являются функциональная, структурная и медицинская (клиническая) протеомика. Данные, полученные методом протеомики, могут быть использованы для формирования более глубокого понимания причин возникновения разнообразных заболеваний, например, нейродегенеративных, а также разработки методов лечения. С помощью протеомики осуществляется поиск антигенов, пригодных для создания новых вакцин. Идентификация белков, которые аномально экспрессируются при различных раковых заболеваниях, имеет огромное значение для диагностики с помощью биомаркеров, прогнозирования и лечения рака. Традиционный подход к изучению белков подразумевает их выделение из тканей и клеток, последующую очистку, в результате чего становится возможным анализировать структуру и функции очищенного белка. В протеомике всё белковое содержимое клетки можно увидеть и проанализировать в одну стадию. Это стало возможным благодаря появлению и развитию таких методов и технологий, как масс-спектрометрия и двумерный электрофорез. С помощью MALDI-TOF можно определять патогенные микроорганизмы с точностью до родов и видов.</p>
52.	<p>Основные направления геномных исследований Ответ: Геном - совокупность наследственного материала, заключённого в клетке организма. Геном содержит биологическую информацию, необходимую для построения и поддержания организма. Сегодня направления исследований геномных центров охватывают все направления реализации программы: биобезопасность и обеспечение</p>

	<p>технологической независимости; генетические технологии сельского хозяйства; генетические технологии для медицины; генетические технологии для промышленной микробиологии. Геномные данные используются для диагностики и мониторинга генетических заболеваний, таких как рак, генетические расстройства и наследственные заболевания. Определенные генетические маркеры выявляются и отслеживаются для определения развития болезни и лечения. Современные технологии изучения геномной ДНК - ключевое направление как в научных исследованиях, так и в приборостроении. Результаты фундаментальных исследований внедряются в практику (сельское хозяйство, микробиологическая промышленность, биофармацевтика), но этот процесс происходил бы намного медленнее, если бы не параллельное развитие и совершенствование биологического приборостроения и разработка наборов реактивов (китов) для молекулярной биологии.</p>
53.	<p>Основные направления протеомных исследований Ответ: Протеомика - область молекулярной биологии, посвященная идентификации и количественному анализу белков. Основная задача протеомики заключается в идентификации новых белков и их количественном анализе. Методологически в протеомике выделяют несколько направлений, главными среди которых являются функциональная, структурная и медицинская (клиническая) протеомика. Цели функциональной протеомики основаны на получении информации о межбелковых взаимодействиях и их влиянии на экспрессию и модуляцию активности генов, а также пост-трансляционную модификацию белков в составе белковых комплексов. Структурная протеомика, несмотря на то, что является классическим направлением исследования белков, продолжает активно развиваться вследствие усовершенствования аналитических методов, таких как новые варианты ЯМР-спектроскопии, рентгеноструктурного анализа и масс-спектрометрии. Медицинская протеомика - новая и перспективная область биомедицинских исследований, позволяющая адаптировать достижения функциональной протеомики, геномики и биоинформатики в буквальном смысле непосредственно «к жизни», т.е. использовать имеющиеся знания для клинического анализа биологических образцов, взятых у пациентов.</p>
54.	<p>Регуляция экспрессии генов у прокариот. Теория оперона. Ответ: Экспрессия генов — это реализация заложенной в них информации, то есть синтез РНК и белков. У прокариот молекула РНК синтезируется на участке ДНК, тут же она может транслироваться, начиная с уже синтезированного конца. Поэтому у них регуляция экспрессии осуществляется почти исключительно на уровне ДНК. У прокариот гены, контролирующие синтез белков-ферментов, катализирующих ход последовательных биохимических реакций, объединяются в структурно-функциональную единицу - оперон. В 1961 г. Жакобом и Моно была предложена модель оперона как системы регуляции генов у бактерий. Оперон состоит из промотора, оператора, структурных генов оперона и терминатора. В области промотора прикрепляется фермент РНК-полимераза. В области оператора присоединяется белок-репрессор, который кодируется отдельно отстоящим от оперона геном-регулятором. Если белок-репрессор соединяется с оператором, то транскрипция всех структурных генов оперона становится невозможной, так как РНК-полимераза не может перемещаться по цепи ДНК. В свою очередь активность белка-репрессора может блокироваться определенным для него низкомолекулярным соединением - индуктором (тем или иным питательным веществом бактерий). В результате взаимодействия с индуктором белок-репрессор видоизменяется и уже не может присоединиться к оператору своего оперона. В этом случае гены оперона экспрессируются. Бывает обратная ситуация, когда индуктор активирует белок-репрессор. Таким образом, в зависимости от того, какие индукторы находятся в цитоплазме, у прокариот экспрессируются те или иные генные группы. Это негативная регуляция, так как гены транскрибируются, если они не выключены репрессором. Кроме негативной регуляции у бактерий существует также позитивная. В этом случае вместо белка-репрессора действие оказывает белок-активатор. На эти белки также действуют индукторы, активируя или инактивируя их.</p>
55.	<p>Суть масс-спектрометрического анализа в протеомике Ответ: Протеомика – наука, изучающая белковый состав биологических объектов, а также модификации и структурно-функциональные свойства белковых молекул. Протеомный анализ направлен на одновременное изучение многих индивидуальных белков, совокупность которых составляет определенную систему, что характеризует исследуемый объект в целом. Развитие протеомики обусловлено использованием высокотехнологических методов, позволяющих определить количество того или иного белка в образце, идентифицировать белок, его первичную структуру и посттрансляционные модификации. Массспектрометрия является физико-химическим</p>

	<p>методом анализа, заключающимся в переводе молекул образца в ионизированную форму с последующим разделением и регистрацией образующихся при этом положительных или отрицательных ионов. Масс-спектр позволяет сделать выводы о молекулярной массе соединения, его составе и структуре. Для анализа больших биологических молекул, таких как белки и пептиды, на данный момент наибольшее распространение получили такие методы ионизации, как MALDI (матрично-активированная лазерная десорбция/ионизация) и ESI (ионизация электрораспылением). Эти методы позволяют переводить в газообразное состояние неразрушенные молекулы, одновременно ионизовать их и проводить внутри масс-спектрометра их индуцируемую диссоциацию.</p>
56.	<p>Белки как результат генной экспрессии. Полиморфизм белков Ответ: Экспрессия генов - это процесс, в ходе которого наследственная информация от участка ДНК преобразуется в функциональный продукт - РНК или белок. При этом, регуляция экспрессии генов позволяет клеткам контролировать свои структурные и функциональные особенности. У разных особей возникают мутации разных генов или варианты одного и того же гена. Варианты генов, образующиеся у отдельных особей, могут постепенно распространяться в популяции в результате наследования, если они не детальны. Так формируется генотипическая неоднородность популяции, которая ведет и к фенотипической неоднородности. На молекулярном уровне наиболее изучен как следствие генотипической гетерогенности полиморфизм белков - существование разных форм белка, выполняющего одинаковые или очень сходные функции - изобелки. Чаще всего изучают полиморфизм ферментов, поскольку их гораздо легче обнаружить, чем другие белки, по катализируемой ими реакции. Генетический полиморфизм белков тканей растений и животных обусловлен множественным аллелизмом отдельных генов. Он определяет потенциальное разнообразие морфологических и физиологических свойств организмов внутри генетически родственных групп и индивидуальную норму реакции организма на внешнее воздействие. Совокупность и взаимодействие аллельных вариантов полиморфных систем играют решающую роль в формировании генотипа в конкретных условиях среды.</p>
57.	<p>Экспрессия гена и её основные звенья Ответ: Экспрессия генов - процесс, в ходе которого наследственная информация от гена преобразуется в функциональный продукт - РНК или белок. Некоторые этапы экспрессии генов могут регулироваться: это транскрипция, трансляция, сплайсинг РНК и стадия посттрансляционных модификаций белков. Экспрессия генов может регулироваться на любом этапе во время транскрипции. Экспрессия генов может регулироваться посттранскрипционной обработкой мРНК. В эукариотах транскрибируемая мРНК подвергается сплайсированию и другим модификациям, которые защищают концы нити РНК от деградации. Экспрессия генов также может быть изменена путем регулирования трансляции мРНК в белки. Трансляция может регулироваться микроРНК- малыми, некодирующими РНК, которые связываются с определенной последовательностью мРНК и блокируют иницирование трансляции или ухудшают транскрибируемую мРНК. Процесс активации экспрессии генов короткими двухцепочечными РНК называется активацией РНК. Регуляция экспрессии генов позволяет клеткам контролировать собственную структуру и функцию и является основой дифференцировки клеток, морфогенеза и адаптации. Экспрессия генов является субстратом для эволюционных изменений, так как контроль над временем, местом и количественными характеристиками экспрессии одного гена может иметь влияние на функции других генов в целом организме. Основными способами определения экспрессии генов в данное время являются секвенирование РНК, содержащих поли-А хвост (мРНК), а также применение экспрессионных ДНК-микрочипов.</p>
58.	<p>Организация хроматина в дифференцированных клетках многоклеточного организма Ответ: В клетках млекопитающих наряду с адаптивной регуляцией, обеспечивающей приспособление организма к меняющимся условиям внутренней и внешней среды, существуют механизмы, которые сохраняют стабильную репрессию одних генов и депрессию других. В ядрах дифференцированных клеток хроматин имеет такую укладку, что только небольшое число генов (менее 1%) доступно для транскрипции. Различают участки гетерохроматина, в которых ДНК упакована очень компактно и недоступна для транскрипции, и участки эухроматина, имеющие более рыхлую укладку и способные связывать РНК-полимеразу. В разных типах клеток в область эухроматина попадают разные гены, а это означает, что в разных тканях транскрибируются разные участки хроматина. Стойкая репрессия генов гетерохроматина обеспечивается пространственной укладкой ДНК, при которой гетерохроматин находится в высококонденсированном</p>

	<p>состоянии; метилированием дезоксицитидина ДНК-ме-тилазами в 5'-CG-3' последовательностях ДНК. Эта модификация сильно меняет кон-формацию хроматина и препятствует активной транскрипции; связыванием с гистонами и образованием нуклеосом, которые также снижают транскрипционную активность ДНК. Области эухроматина, в которых расположены активно транскрибируемые гены, обладают некоторыми структурными особенностями. Они более чувствительны к действию ДНК-аз, чем остальные участки ДНК. Молекулы гистонов, связанные с ДНК в этих участках, модифицированы. К областям "активного" хроматина присоединяется группа негистоновых HMG-белков. Эти белки содержат много положительно заряженных аминокислотных остатков, связывание с которыми ослабляет взаимодействие ДНК и гистонов и вызывает дополнительное повышение транскрипционной активности генов.</p>
59.	<p>Эпигенетика как наука. Предмет и основные вопросы. Место эпигенетики в системе биологических наук, ее фундаментальное и практическое значение.</p> <p>Ответ: Эпигенетика представляет собой науку о наследуемых свойствах организма, которые не связаны с изменением собственно нуклеотидной последовательности ДНК и могут быть не прямо, а опосредованно закодированы в геноме. Эпигенетические изменения сохраняются в ряде митотических делений соматических клеток, а также могут передаваться следующим поколениям. Регуляторы синтеза белка - метилирование и деметилирование ДНК, ацетилирование и деацетилирование гистонов, фосфорилирование и дефосфорилирование транскрипционных факторов и другие внутриклеточные механизмы. В рамках эпигенетики исследуются такие процессы как парамутация, генетический букмаркинг, геномный импринтинг, инактивация X-хромосомы, эффект положения, материнские эффекты, репрограммирование, а также другие механизмы регуляции экспрессии генов. В эпигенетических исследованиях используется широкий спектр методов молекулярной биологии, в том числе - иммунопреципитация хроматина (различные модификации ChIP-on-chip и ChIP-Seq), гибридизация in situ, чувствительные к метилированию рестриктазы, идентификации ДНК-аденин-метилтрансферазы (DamID), бисульфитное секвенирование. Кроме того, всё большую роль играет использование методов биоинформатики (компьютерная эпигенетика). Эпигенетическое наследование в соматических клетках играет важнейшую роль в развитии многоклеточного организма. Геном всех клеток почти одинаков, в то же время многоклеточный организм содержит различно дифференцированные клетки, которые по-разному воспринимают сигналы окружающей среды и выполняют различные функции. Именно эпигенетические факторы обеспечивают «клеточную память».</p>
60.	<p>Пространственная организация хроматина эукариотических клеток. Методы ее изучения. Роль в регуляции транскрипции.</p> <p>Ответ: Хроматин - нуклеопротеид, составляющий основу хромосом. Состоит из ДНК и белков. В составе хроматина происходит реализация генетической информации, а также репликация и репарация ДНК. До 40% сухого веса хроматина составляют гистоновые белки. Гистоны являются компонентом нуклеосом, надмолекулярных структур, участвующих в упаковке хромосом. Нуклеосома состоит из гистонов четырёх типов: H2A, H2B, H3 и H4. Эти гистоны называются коровыми. В одну нуклеосому входят по два коровых гистона каждого типа. Линкерный гистон H1 связывается с ДНК в месте её входа на нуклеосому. Нить ДНК с нуклеосомами образует нерегулярную соленоид-подобную структуру. В клетках нуклеосомная фибрилла складывается в нерегулярные петлевые и глобулярные структуры, которые в ряде случаев имеют регуляторное значение. Дальнейшая упаковка может иметь различную плотность. Если хроматин упакован плотно, его называют конденсированным или гетерохроматином. ДНК, находящаяся в гетерохроматине не транскрибируется, обычно это состояние характерно для незначущих или молчащих участков. Если хроматин упакован неплотно, его называют эу- или интерхроматином. Этот вид хроматина гораздо менее плотный и обычно характеризуется транскрипционной активностью. Плотность упаковки хроматина во многом определяется модификациями гистонов. Определение конформации хромосом применяют для количественной оценки взаимодействий между геномными локусами, расположенными рядом в трёхмерном пространстве. Выделяют базовые и специальные. К базовым относится метод захвата конформации хромосомы (3C). Он используется для количественного определения взаимодействия между выбранной парой геномных локусов. Метод замкнутого захвата конформации хромосомы (4C) используется для того, чтобы найти участок генома, который взаимодействует с данной последовательностью ДНК и представляет собой комбинацию стандартного метода 3C с инвертированной ПЦР. 5C детектирует взаимодействия между всеми фрагментами в заданном регионе. Он позволяет искать участки ДНК, которые взаимодействуют с несколькими выбранными участками генома и представляет собой комбинацию метода 3C и мультиплексной ПЦР. К</p>

специальным методам можно отнести методы на основе захвата последовательности, single-cell методы и методы на основе иммунопреципитации. Например, single-cell Hi-C может быть использован для изучения взаимодействий в отдельных клетках.

ПКв-1 – Способен организовывать и управлять научно-исследовательскими работами, в том числе, при проведении экспериментов, оформлении рационализаторских предложений и заявок на изобретения

Номер вопроса	Текст вопроса
61.	<p>Метилирование ДНК. Особенности процесса метилирования ДНК у разных групп организмов. Белковые факторы, осуществляющие метилирование и деметилирование ДНК.</p> <p>Ответ: Метилирование ДНК - это модификация молекулы ДНК без изменения самой нуклеотидной последовательности ДНК, что можно рассматривать как часть эпигенетической составляющей генома. Метилирование ДНК заключается в присоединении метильной группы к цитозину в составе CpG-динуклеотида в позиции С5 цитозинового кольца. Метилирование в промоторной зоне оперона приводит к подавлению соответствующего гена. Метилированный цитозин может затем окисляться особыми ферментами, что в конечном итоге приводит к его деметилированию обратно в цитозин. Метилирование ДНК считается, в основном, присущим эукариотам. У человека метилировано около 1 % геномной ДНК. В соматических клетках взрослого организма метилирование ДНК обычно происходит в CpG-динуклеотидах; метилирование ДНК вне CpG-динуклеотидов встречается в эмбриональных стволовых клетках. У растений метилирование цитозина происходит как симметрично по обеим цепям (на CpG или CpNpG), так и асимметрично лишь на одной из двух цепей. Сигнал метилирования ДНК считается набором белков, которые специфически распознают метилированную ДНК и рекрутируют корепрессорные комплексы, чтобы сформировать транскрипционно молчание хроматиновые структуры. У млекопитающих идентифицированы три структурно самостоятельных типа methyl-CpG связывающих белков: семейство MBD, семейство SRA и группа белков с Zinc fingers. DNMT3a и DNMT3b - это метилтрансферазы de novo, которые осуществляют формирование модели метилирования ДНК на ранних стадиях развития, а также её изменения в процессе дифференцировки клеток. Деметилирование ДНК происходит как пассивно при делении клеток, так и активно за счет действия ферментов.</p>
62.	<p>Методы изучения глобального и локального метилирования ДНК и других типов химически модифицированных нуклеиновых оснований</p> <p>Ответ: Исторически для анализа паттернов метилирования применялся рестрикционный анализ. Использовалась пара ферментов — HpaII и MspI, которые могут распознавать последовательность CCGG, но рестриктаза HpaII не способна разрезать ДНК, в которой метилирован внутренний цитозин. Полученные после рестрикции фрагменты можно анализировать разными способами: масс-спектрометрия, саузерн-блоттинг, лигирование с мечеными нуклеотидами, ПЦР и другие. К недостаткам этого метода можно отнести то, что не все CG расположены в последовательностях CCGG, и это может быть причиной ложноотрицательных результатов. Используют также методы NGS-секвенирования или количественной ПЦР. Могут быть выбраны и классическая ПЦР, секвенирование по Сэнгеру или пиросеквенирование – главное, чтобы изучаемая ДНК была предварительно подвергнута специальной модификации – бисульфитной конверсии. Подходы с использованием бисульфитной конверсии являются золотым стандартом. Эта технология основана на химической модификации неметилированного цитозина в урацил бисульфитом, при этом метилированные цитозины защищены от превращения. Таким образом, последовательность ДНК изменяется в зависимости от ее паттерна метилирования. После такого воздействия можно установить, какие CpG-динуклеотиды были метилированы, сравнив измененную последовательность с исходной.</p>
63.	<p>Варианты гистонов. Их разнообразие и происхождение. Распределение вариантов гистонов в различных генетических локусах. Ремоделирование хроматина.</p> <p>Ответ: Гистоны - обширный класс ядерных белков, выполняющих две основные функции: участие в упаковке нитей ДНК в ядре и эпигенетическая регуляция таких ядерных процессов, как транскрипция, репликация и репарация. Существует всего пять различных типов гистонов H1/H5, H2A, H2B, H3, H4. Гистоны H2A, H2B, H3, H4, называемые кóровыми гистонами, формируют нуклеосому, представляющую собой белковую глобулу, вокруг которой накручена нить ДНК. Гистон H1/H5, называемый линкерным гистоном,</p>

	<p>связывается с внешней стороной нуклеосомы, фиксируя на ней нить ДНК. Нуклеосомы и линкерные гистоны имеют ряд функций, которые обуславливают динамику хроматина. Гистон H1 является фиксатором нити ДНК на нуклеосоме, и таким образом он контролирует доступность хроматина. В свою очередь, коровые гистоны могут менять внутреннюю композицию и тем самым влиять на доступность хроматина к определенным участкам ДНК. Одним из важных факторов регуляции работы эукариотической клетки на уровне нуклеосомы является замена гистонов на их варианты. Существует два вида гистонов: канонические и гистоновые варианты. Роль гистоновых вариантов состоит в том, чтобы сохраняя нуклеосомную укладку хроматина, увеличивать или уменьшать её устойчивость, создавать особый контекст в каждом конкретном участке хроматина и тем самым управлять процессами транскрипции, репликации и репарации. Ремоделирование хроматина - процесс перемещения нуклеосом по ДНК, приводящий к изменению плотности нуклеосом или к расположению их на определённом расстоянии друг от друга. Ремоделирование осуществляется специальными белковыми комплексами, при этом затрачивается энергия в виде АТФ. Это ключевой процесс в инициации транскрипции, репликации, связывании транскрипционных факторов, поддержании статуса хроматина (активный/неактивный). Ремоделирование приводит к активации транскрипции генов при образовании открытого хроматина</p>
64.	<p>Посттрансляционная модификация гистонов. Влияние посттрансляционных модификаций гистонов на ремоделирование хроматина. Ответ: Посттрансляционные модификации гистонов включают в себя ацетилирование, метилирование, фосфорилирование, убиквитинирование и сумоилирование. Субстратами для этих модификаций являются лизин, аргинин, серин и треонин. Модификации гистонов, в зависимости от типа модификации и позиции, приводят к усилению или ослаблению экспрессии, что предполагает наличие «гистонного кода». Согласно данной гипотезе, специфические модификации гистонов влияют на плотность хроматина и доступность ДНК для факторов транскрипции, что приводит к регуляции экспрессии генов. Эти изменения обратимы, так как модификации могут как добавляться, так и сниматься с гистонов, что делает контроль синтеза мРНК более гибким. Ацетилирование гистонов обеспечивает доступ к факторам транскрипции и необходимым для синтеза мРНК ферментам к ДНК. Метилирование связывают как с активацией транскрипции, так и с ее подавлением в зависимости от участка связывания. Структура хроматина динамически меняется, делая возможной локальную деконденсацию и ремоделирование. При этом посттрансляционные модификации гистонов играют существенную роль в регуляции ядерной функции. Посттрансляционные ковалентные модификации гистонов создают эпигенетические изменения, которые определяют функциональное состояние различных участков генома - гистоновый код. АТФ-зависимые хроматин-ремоделирующие белки модифицируют структуру хроматина, изменяя ДНК-гистоновые контакты. Такие изменения приводят к перемещению или удалению нуклеосом, что и определяет «молчание» или активность генов. Вариантные гистоны и факторы, вовлеченные в доставку этих гистонов в хроматин, играют существенную роль в контроле хромосомной архитектуры, экспрессии генов, репарации и формировании эпигенетической памяти.</p>
65.	<p>Методы изучения гистонов, их вариантов и модификаций. Ответ: Процессы транскрипции, репликации и репарации ДНК требуют взаимодействия геномной ДНК с ядерными белками. Хотя гистоны самые консервативные белки, но все-таки их первичная структура тоже может варьировать. Состав и количество вариантов могут меняться в зависимости от ткани [141,161] или стадии развития организма. Полногеномный поиск эпигенетических модификаций впервые был выполнен с помощью метода иммунопреципитации хроматина (ChIP) вместе с ДНК-микрочипами. В случае ChIP-on-chip с помощью иммунопреципитации хроматина выделяют не транскрипционные факторы и ДНК-связывающие белки-активаторы, а модифицированные гистоны. Для полногеномного изучения эпигенетических меток на больших геномах вместе с иммунопреципитацией хроматина используют высокопроизводительные методы, такие как SAGE, секвенирование спаренных концов и высокопроизводительное секвенирование. ChIP-seq включает стандартный протокол иммунопреципитации хроматина, однако вместо амплификации выделенной ДНК и её гибридизации на микрочипе её секвенируют с помощью высокопроизводительных методов. ChIP-seq показал себя как эффективный метод для анализа модификаций гистонов на глобальном уровне, выявления сайтов связывания белков, взаимодействующих с ДНК, причём с большим разрешением, чем дают другие методы.</p>
66.	<p>Роль и разнообразие некодирующих РНК в эпигенетической регуляции. Методы их изучения.</p>

	<p>Ответ: В отличие от матричной РНК, некодирующие РНК не транслируются в белки, но выполняют важные клеточные функции либо сами по себе, либо в комплексе с белками. Функции некодирующих РНК варьируются от обеспечения процессинга РНК, модификации, регуляции транскрипции, стабильности и трансляции мРНК до секреции белка. Было обнаружено и биохимически выделено несколько малых РНК, отличных от мРНК, рРНК и тРНК, в том числе богатые уридином U-РНК. Названные малыми ядерными РНК (мяРНК) U1, U2, U4, U5 и U6, оказались компонентами сплайсосомы, участвующими в сплайсинге мРНК. В 2013 году было обнаружено существование кольцевых некодирующих РНК. Длинные некодирующие и малые некодирующие РНК регулируют активность генов не только посттранскрипционно, но и путем воздействия на модификацию гистонов и целевое метилирование ДНК. МикроРНК и короткие интерферирующие РНК циркулируют во многих биологических жидкостях и могут служить биомаркерами различных заболеваний у человека благодаря своей консервативной последовательности, тканеспецифичности, устойчивости к факторам внешней среды. Подходы к изучению этих молекул можно разделить на клонирование, биоинформатический анализ и методы гибридизации (нозерн-блот, RTPCR, гибридизация in situ, анализ на микрочипах, репортерный анализ).</p>
67.	<p>Ремоделирующие белки и гистоновые шапероны. Их функциональная роль, принципы работы. Методы изучения</p> <p>Ответ: Ремоделирование хроматина - процесс перемещения нуклеосом по ДНК, приводящий к изменению плотности нуклеосом или к расположению их на определенном расстоянии друг от друга. Ремоделирование осуществляется специальными белковыми комплексами, при этом затрачивается энергия в виде АТФ. Классы комплексов ремоделирования называются по ключевым белкам, обнаруженным первыми. Так комплекс SWI/SNF был впервые обнаружен у дрожжей, а ISWI у дрозофилы. SWI/SNF и другие комплексы ремоделинга хроматина используют энергию гидролиза АТФ для изменения структуры или позиционирования нуклеосом. Катализируя АТФ-зависимые изменения в структуре хроматина, комплексы ремоделинга хроматина помогают транскрипционным факторам и другим регуляторным белкам получить доступ к нуклеотидным последовательностям ДНК, которые в норме были бы закрыты гистоновыми белками. Наиболее всесторонне изученными белками trxG, участвующими в ремоделинге хроматина, являются BRM и его аналоги у человека, BRG1 и HBRM. Шапероны - класс белков, главная функция которых состоит в восстановлении правильной нативной третичной или четвертичной структуры белков, а также образование и диссоциация белковых комплексов. Многие шапероны являются белками теплового шока (англ. heat shock proteins, HSP), то есть белками, экспрессия которых начинается в ответ на рост температуры или другие клеточные стрессы. Тепло сильно влияет на фолдинг белка, а некоторые шапероны участвуют в исправлении потенциального вреда, который возникает из-за неправильного сворачивания белков. Другие шапероны участвуют в фолдинге только что созданных белков в тот момент, когда они «вытягиваются» из рибосомы. И хотя большинство только что синтезированных белков могут сворачиваться и при отсутствии шаперонов, некоторому меньшинству обязательно требуется их присутствие. Другие типы шаперонов участвуют в транспортировке веществ сквозь мембраны, например в митохондриях и эндоплазматическом ретикулуме у эукариот. Рецепторы глюкокортикоидов образуют в цитозоле комплекс с шапероном, что препятствует связыванию рецептора с молекулой ДНК. Традиционный подход к изучению ремоделирующих белков и гистоновых шаперонов подразумевает их выделение из тканей и клеток, последующую очистку, в результате чего становится возможным анализировать структуру и функции очищенного белка. Это стало возможным благодаря появлению и развитию таких методов и технологий, как хроматография, масс-спектрометрия, вестерн-блоттинг, двумерный электрофорез и некоторые другие методы протеомики.</p>
68.	<p>Взаимосвязь различных эпигенетических механизмов. Методы изучения этих взаимосвязей.</p> <p>Ответ: Описаны следующие механизмы эпигенетического регулирования экспрессии генов: 1) метилирование ДНК (Метилирование ДНК заключается в присоединении метильной группы к цитозину в составе CpG-динуклеотида в позиции С5 цитозинового кольца. У человека за процесс метилирования ДНК отвечают три фермента, называемые ДНК-метилтрансферазами 1, 3a и 3b; 2) ремоделирование хроматина (Ремоделирование хроматина — процесс перемещения нуклеосом по ДНК, приводящий к изменению плотности нуклеосом или к расположению их на определенном расстоянии друг от друга. Ремоделирование осуществляется специальными белковыми комплексами, при этом затрачивается энергия в виде АТФ.); 3) РНК-интерференция (на уровне РНК) (РНК-</p>

	<p>интерференция - процесс подавления экспрессии гена на стадии транскрипции, трансляции, деаденилирования или деградации мРНК при помощи малых молекул РНК. Процесс РНК-интерференции начинается с действия фермента Dicer, который разрезает длинные молекулы двуцепочечной РНК (dsRNA) на короткие фрагменты порядка 21—25 нуклеотидов, называемые siRNA. Одну из двух цепочек каждого фрагмента называют «направляющей», эта одноцепочечная РНК далее включается в состав РНК-белкового комплекса RISC. В результате активности RISC одноцепочечный фрагмент РНК соединяется с комплементарной последовательностью молекулы мРНК и вызывает разрезание мРНК белком Argonaute либо ингибирование трансляции и/или деаденилирование мРНК. Эти события приводят к подавлению экспрессии (сайленсингу) соответствующего гена, эффективность которого ограничена концентрациями молекул малых РНК — siRNA и микроРНК.; 4) прионизация белков (Прионные белки обладают аномальной трёхмерной структурой и способны катализировать структурное превращение гомологичных им нормальных белков в себе подобный (прионный) белок, присоединяясь к белку-мишени и изменяя его конформацию. Как правило, прионное состояние белка характеризуется переходом α-спиралей белка в β-слои. Прионы — единственные инфекционные агенты, размножение которых происходит без участия нуклеиновых кислот, а также они осуществляют единственный известный путь передачи информации от белка к белку.; 5) инактивация X-хромосомы (Инактивация X-хромосомы - процесс, в ходе которого инактивируется одна из двух копий X-хромосом, представленных в клетках самок млекопитающих. ДНК неактивной X-хромосомы упаковывается в транскрипционно неактивный гетерохроматин. Инактивация X-хромосомы происходит в клетках самок млекопитающих для того, чтобы с двух копий X-хромосом не образовывалось вдвое больше продуктов соответствующих генов, чем у самцов млекопитающих. Такой процесс называется дозовой компенсацией генов. У плацентарных выбор X-хромосомы, которая будет инактивирована, случаен. Инактивированная X-хромосома будет оставаться неактивной во всех последующих дочерних клетках, образующихся в результате деления. Эпигенетические исследования используют широкий спектр молекулярно-биологических методов для дальнейшего понимания эпигенетических явлений. Эти методы включают в себя иммунопреципитацию хроматина (вместе с ее крупномасштабными вариантами ChIP-on-chip и ChIP-Seq), флуоресцентную гибридизацию in situ, чувствительные к метилированию ферменты рестрикции, идентификацию ДНК-аденинметилтрансферазы (DamID) и бисульфитное секвенирование. Кроме того, использование методов биоинформатики играет важную роль в вычислительной эпигенетике.</p>
69.	<p>Эпигенетическая регуляция процессов транскрипции и процессинга РНК, репликации, репарации и рекомбинации ДНК. Ответ: Эпигенетическая регуляция генов осуществляется на уровне транскрипции (время и характер транскрипции гена), при отборе зрелых мРНК для транспорта их в цитоплазму, при селекции мРНК в цитоплазме для трансляции на рибосомах, дестабилизации определенных типов мРНК в цитоплазме, избирательной активации, инактивации молекул белков после их синтеза. Совокупность эпигенетических маркеров представляет собой эпигеном. Эпигенетические преобразования могут влиять на фенотип. Как и в репликации, в транскрипции играют роль эпигенетические регуляторы. Во время транскрипции нуклеосомы, которые попадают по пути РНК-полимеразе, разбираются шаперонами гистонов, а потом собираются обратно. Самый изученный шаперон — FACT: он способен как собирать нуклеосомы, так и разбирать их, «вынимая» оттуда один из димеров H2A-H2B и немного разворачивая ДНК. Лаборатория К. Лугер определила строение FACT с полной и неполной нуклеосомой. По-мимо FACT в регуляции транскрипции задействованы и другие связанные друг с другом шапероны. Если нарушить взаимодействие между шаперонами Spt6 и Spn1 в дрожжах, то количество FACT на хроматине сильно повышается, и в транскрипции возникают дефекты. Это можно преодолеть, заставив FACT меньше взаимодействовать с хроматином. Для транскрипции важны не только шапероны, но и ремоделеры, которые четко позиционируют нуклеосомы на промоторе относительно сайта начала транскрипции: это нужно для корректного связывания транскрипционных факторов (ТФ), которые уже помогают полимеразе сесть на промотор. Если ремоделер подвинет нуклеосому, которая в результате закроет сайт посадки ТФ, транскрипция может пойти хуже или вовсе остановиться. Более того, некоторые ремоделеры могут вообще «столкнуть» ТФ с хроматина. На хроматине могут возникать поломки: разрывы одной или сразу двух цепочек ДНК; отсутствие части одной цепи ДНК; замена нуклеотидных остатков в ДНК (так что нарушается комплементарность); сшивки оснований, вызванные ультрафиолетом; а также сшивки ДНК с хроматиновыми белками. Процесс, который</p>

	<p>приводит к восстановлению нативной структуры нуклеиновой кислоты называется репарация. Дц-разрывы в ДНК опасны для генома, поскольку неправильная починка может привести к рекомбинации и повлечь заболевания, в том числе — рак. Существует два основных пути починки таких поломок — негомологичное соединение концов и гомологичная рекомбинация. Выбор рекомбинации определяет: Во-первых, фаза клеточного цикла — гомологичная рекомбинация возможна только в S- и G2-фазах. Во-вторых, присутствие длинных одноцепочечных участков ДНК на концах в месте разрыва — если они есть, то выбор останавливается на гомологичной рекомбинации. В-третьих, это масштаб повреждений — если нужно быстро сшить много разрывов (возникших, например, при ультрафиолетовом облучении), в ход идет негомологичное соединение концов. На выбор пути починки влияет и контекст хроматина в месте разрыва: например, в фазе G2 гетерохроматин по большей части застраивается гомологичной рекомбинацией.</p>
70.	<p>Эпигенетический контроль транспозиции мобильных элементов. Роль эпигенетической модификации хроматина в процессах мутагенеза.</p> <p>Ответ: Эпигенетическим наследованием называют наследуемые изменения экспрессии генов, вызываемые механизмами, отличными от изменения последовательности ДНК. Такие изменения могут оставаться видимыми в течение нескольких клеточных поколений или даже нескольких поколений живых существ. В случае эпигенетического наследования происходит изменение не последовательности ДНК, а химические изменения, происходящие в определённых участках генома. Известны три основных механизма транспозиции, связанных с их копированием: консервативный; полуконсервативный; РНК-опосредованный. При консервативном механизме транспозиции обе цепи ДНК вырезаются из исходной молекулы и дальше встраиваются в ДНК-мишень, например, в плазмиду, а в месте делеции (выпадения участка ДНК) происходит репликативная репарация. Если же для застраивания бреши не имеется матрицы, то может происходить транспозиция, сопровождающаяся деградацией всей ДНК за счет гидролитического действия экзонуклеаз. Полуконсервативный механизм транспозиции. Этот механизм хорошо изучен на примере Ми-фага, который может рассматриваться как транспозон. При таком механизме в двухцепочечной молекуле ДНК справа и слева от транспозона фермент транспозаза разрывает по одной цепи в транс - положении, а к образовавшимся концам прикрепляется белок А (продукт гена А у Ми-фага). Белок В (продукт гена В) делает разрыв в ДНК-мишени с образованием «липких» концов в 5 п.н. и присоединяется к ним. После этого происходит соединение разорванных концов транспозона с «липкими» концами разрезов ДНК-мишени. В результате такого соединения образуется коинтегра́т – сцепленные кольца ДНК-донора (например, хромосомы) и ДНК-мишени (плазмиды). В коинтегра́те вокруг транспозона остается по 2 несоединенных цепи, которые имитируют репликативные вилки, с которых и начинается удвоение транспозона. После репликации резолваза осуществляет сайт-специфическую рекомбинацию в <i>res</i>-области удвоенного транспозона, разрезая сцепленные цепи и воссоединяя их крест-на-крест. Полуконсервативный процесс транспозиции характерен для крупных транспозонов TnA-семейства, к которому отнесены Ми-фаг, Tn1, Tn3, Tn21, Tn501, Tn1000 и ряд других МГЭ. РНК-опосредованный механизм транспозиции встречается в основном у эукариот при формировании и перемещении ретротранспозонов и ретропозонов. Данные МГЭ формируются за счет обратной транскрипции на вирусных РНК (ретротранспозоны) или клеточных РНК (ретропозоны). С помощью фермента обратной транскриптазы, источником которой зачастую являются ретровирусы, происходит синтез ДНК-копий на матрицах молекул РНК. Образованные ДНК-копии встраиваются в ДНК хромосом, однако легко могут из них выщепляться и переноситься в другие сайты генома, причем количество их копий при транспозициях может увеличиваться. Метилирование ДНК влияет на структуру хроматина, блокирует транскрипционные репрессоры. Профиль метилирования — активирование или угнетение — меняется в зависимости от средовых факторов. Влияние метилирования ДНК на структуру хроматина имеет большое значение для развития и функционирования здорового организма, чтобы подавлять значительную часть генома чужеродного происхождения, т. е. реплицированные перемещающиеся элементы, вирусные и другие повторяющиеся последовательности.</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 практических работ)

3.3.1 ПКв-1 – Способен организовывать и управлять научно-исследовательскими работами, в том числе, при проведении экспериментов, оформлении рационализаторских предложений и заявок на изобретения

Номер вопроса	Текст вопроса
31.	Каковы структурные и функциональные различия между эу- и гетерохроматином?
32.	Как метилирование ДНК в области промотора гена отражается на его активности?
33.	Какова роль метилирования ДНК в последовательностях мобильных элементов?
34.	Какова роль ацетилирования гистонов?
35.	Как называются ферменты, обеспечивающие ацетилирование гистонов?
36.	Как называются ферменты, обеспечивающие деацетилирование гистонов?
37.	Какие варианты метилирования гистонов характерны для активных промоторов?
38.	Какие варианты метилирования гистонов характерны для инактивированных генов?
39.	Какую роль выполняет включение в хроматин варианта гистона H2AX?
40.	Как соотносятся между собой активность хроматина и время репликации участков ДНК в S фазе?
41.	Если все соматические клетки имеют одинаковую последовательность ДНК, то почему необходимо иметь библиотеку кДНК различных тканей?
42.	Какая аминокислота полностью отсутствует в белках <i>M. genitalium</i> ?
43.	В какое событие сделало возможным возникновение геномики как научной дисциплины?
44.	Какую функцию у патогенного организма выполняет кодируемый геномом продукт?
45.	Где экспрессируются гены house keeping у патогенного микроорганизма?
46.	По каким параметрам протеомика характеризует состояние микробного патогена?
47.	В каких условиях возможно объединение геномов клеток разных видов и родов при соматической гибридизации?
48.	Перечислите ферменты, участвующие в репликации
49.	Перечислите основные этапы ПЦР
50.	Перечислите основные этапы химического синтеза олигонуклеотидной последовательности
51.	Дайте определение процессингу РНК
52.	В чем состоит значение фолдинга белков?
53.	Перечислите ферменты, участвующие в транскрипции
54.	Перечислите ферменты, участвующие в трансляции
55.	Какие методы получения нуклеиновых оснований существуют?
56.	Какие методы получения нуклеозидов существуют?
57.	Какие методы получения нуклеотидов существуют?
58.	Дайте определение понятию «транскриптомика»

59.	Дайте определение понятию «палеогеномика»
60.	Дайте определение понятию «этногеномика»

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-1 – Способен организовывать и управлять научно-исследовательскими работами, в том числе, при проведении экспериментов, оформлении рационализаторских предложений и заявок на изобретения

№ задания	Формулировка задания
61.	Разработайте схему эксперимента для обнаружения генов, которые участвуют в реакции на лекарство в разных типах клеток.
62.	Разработайте схему эксперимента, который бы помог проверить гипотезу о том, что метилирование промоторов генов А, В С связано с тяжестью некоторого заболевания.
63.	Предложите исследовательские подходы для изучения эпигенетических изменений, связанных со старением
64.	Разработайте схему экспериментов, которые помогли бы установить функциональную роль какой-либо нкРНК (можно рассматривать функции на уровне клетки, эмбриона, взрослого организма)
65.	Частоты встречаемости оснований в геноме <i>E. coli</i> составляют: А=Т= 49,2%; G=C= 50,8%. Дана случайная последовательность из 4639221 нуклеотидов. Сколько раз в среднем в ней встретиться участок СТАG?
66.	Путем горизонтального переноса в геном <i>E. coli</i> в течение 14,4 млн. лет были внесены 755 ORF, что является причиной дивергенции <i>E. coli</i> от <i>Salmonella</i> . Оцените среднюю скорость горизонтального переноса в парах нуклеотидов/год. Каков процент известных нам генов, внесенных в геном <i>E. coli</i> посредством горизонтального переноса
67.	Определите последовательность нуклеотидов <i>LasI</i> -гена бактерий <i>P. aeruginosa</i> (по базам данных GeneBank NCBI).
68.	Определите последовательность нуклеотидов <i>UreH</i> -гена бактерий <i>E. coli</i> (по базам данных GeneBank NCBI).
69.	Определить последовательность нуклеотидов <i>BioY</i> -гена бактерий <i>E. coli</i> (по базам данных GeneBank NCBI).
70.	Какова роль гетерохроматина в образовании пространственной структуры ядра
71.	Какие особые типы хроматина вы знаете?
72.	Насколько стабильны эпигенетические метки во времени?

73.	Каковы перспективы использования интерферирующих РНУ в медицине?
74.	Какие причины определяют потребность белков в помощи при сворачивании в ходе трансляции?
75.	Почему в качестве ДНК-маркеров применяют микросателлиты, а не минисателлиты?
76.	Какие виды нуклеиновых кислот содержатся в прионах?
77.	В хроматине какого типа содержатся активно эспрессируемые гены?
78.	Перечислите процессы, являющиеся примерами редактирования РНК
79.	Что такое скрытые сайты сплайсинга?
80.	Какова роль белка Rho в термации транскрипции?

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.

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 – 1 Способен организовывать и управлять науч-но-исследовательскими работами, в том числе при проведении экспериментов, оформлении рационализаторских предложений и заявок на изобретения					
Знать	современные методы анализа информации; - особенности основных групп прокариот и их роль в экосистемах	Знание современных методов анализа информации; особенностей основных групп прокариот и их роли в экосистемах	Изложены знания современных методов анализа информации; особенностей основных групп прокариот и их роли в экосистемах	Зачтено/ 60-100	Освоена (базовый)
			Не изложены знания современных методов анализа информации; особенностей основных групп прокариот и их роли в экосистемах	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	анализировать полученные данные с использованием современных методов анализа информации; ориентироваться в специальной научной и методической литературе по профилю подготовки и смежным вопросам; ориентироваться в проблемах таксономического расположения микроорганизмов, в современных направлениях в систематике бактерий и архей и популяционно-биологической и таксономической концепциях вида у прокариот; - применять полученные в ходе освоения дисциплины знания в научно-практической деятельности	Умение анализировать полученные данные с использованием современных методов анализа информации; ориентироваться в специальной научной и методической литературе по профилю подготовки и смежным вопросам; ориентироваться в проблемах таксономического расположения микроорганизмов, в современных направлениях в систематике бактерий и архей и популяционно-биологической и таксономической концепциях вида у прокариот; - применять полученные в ходе освоения дисциплины знания в научно-практической деятельности	Умеет анализировать полученные данные с использованием современных методов анализа информации; ориентироваться в специальной научной и методической литературе по профилю подготовки и смежным вопросам; ориентироваться в проблемах таксономического расположения микроорганизмов, в современных направлениях в систематике бактерий и архей и популяционно-биологической и таксономической концепциях вида у прокариот; - применять полученные в ходе освоения дисциплины знания в научно-практической деятельности	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не умеет анализировать полученные данные с использованием современных методов анализа информации; ориентироваться в специальной научной и методической литературе по профилю подготовки и смежным вопросам; ориентироваться в проблемах таксономического расположения микроорганизмов, в современных направлениях в систематике бактерий и архей и популяционно-биологической и таксономической концепциях вида у прокариот; - применять полученные в ходе освоения дисциплины знания в научно-практической деятельности	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)

Владеть	навыками интерпретации полученных данных с использованием современных методов анализа информации; теоретическими знаниями о горизонтальном транспорте генов у прокариот, масштабах генетического обмена у бактерий и архей и эволюции бактериального генома; навыками идентификации микроорганизмов в лабораторных и производственных условиях	Владение навыками интерпретации полученных данных с использованием современных методов анализа информации; теоретическими знаниями о горизонтальном транспорте генов у прокариот, масштабах генетического обмена у бактерий и архей и эволюции бактериального генома; навыками идентификации микроорганизмов в лабораторных и производственных условиях	Владеет навыками интерпретации полученных данных с использованием современных методов анализа информации; теоретическими знаниями о горизонтальном транспорте генов у прокариот, масштабах генетического обмена у бактерий и архей и эволюции бактериального генома; навыками идентификации микроорганизмов в лабораторных и производственных условиях	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не владеет навыками интерпретации полученных данных с использованием современных методов анализа информации; теоретическими знаниями о горизонтальном транспорте генов у прокариот, масштабах генетического обмена у бактерий и архей и эволюции бактериального генома; навыками идентификации микроорганизмов в лабораторных и производственных условиях	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
ПКв – 5 Способен применять знания и навыки в области разработки и применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования					
Знать	основные проблемы биологии и микробиологии; генетические технологии, в том числе геномное редактирование	Знание основных проблем биологии и микробиологии; генетических технологий, в том числе геномного редактирования	Изложены знания основных проблем биологии и микробиологии; генетических технологий, в том числе геномного редактирования	Зачтено/ 60-100	Освоена (базовый)
			Не изложены знания основных проблем биологии и микробиологии; генетических технологий, в том числе геномного редактирования	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Уметь	применять знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности; разрабатывать методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности	Умение применять знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности; разрабатывать методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности	Умеет применять знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности; разрабатывать методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)
			Не умеет применять знания и навыки в области биологии и микробиологии для геномного редактирования в профессиональной деятельности; разрабатывать методики применения генетических технологий, в том числе геномного редактирования в профессиональной деятельности	Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)
Владеть	навыками геномного редактирования в	Владение навыками геномного редактирования	Владеет навыками геномного редактирования в профессиональной деятельности; навыками ге-	Зачтено/ 60-100	Освоена (повышенный)

	профессиональной деятельности; навыками геномного редактирования с профессиональной деятельности	в профессиональной деятельности; навыками геномного редактирования с профессиональной деятельности	номного редактирования с профессиональной деятельности Не владеет навыками геномного редактирования в профессиональной деятельности; навыками геномного редактирования с профессиональной деятельности		
				Не зачтено/ 0-59,99	Не освоена (недостаточный)