

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Б1.В.ДВ.01.01 Избранные главы молекулярной генетики

наименование дисциплины (модуля) в соответствии с учебным планом

Направление подготовки / специальность

06.04.01 Биология

Направленность (профиль)

06.04.01.06 Геномика и биоинформатика

Форма обучения

очная

Год набора

2021

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили _____

д.б.н., Зав.кафедрой, Ямских Ирина Евгеньевна

должность, инициалы, фамилия

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Основной целью освоения данной дисциплины является формирование необходимых теоретических знаний о структуре и функционировании генетического материала живых организмов.

1.2 Задачи изучения дисциплины

Для достижения поставленной цели выделяются следующие задачи курса:

1. Активировать знания базовых курсов биохимии, молекулярной биологии, генетики.
2. Рассмотреть структуру и особенности функционирования нуклеиновых кислот.
3. Изучить структуру генов и геномов прокариотических и эукариотических организмов.
4. Изучить процессы мутаций и репарации поврежденной ДНК.
5. Ознакомиться с основными методами анализа ДНК и РНК.
6. Рассмотреть основы геносистематики на примере высших растений.

1.3 Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Запланированные результаты обучения по дисциплине
ПК-3: Способен выполнять работы, связанные с исследованием и анализом генома и протеома живых организмов в т. ч. в областях здравоохранения, лесного хозяйства и охраны природы.	
ПК-3.3: Способен: - использовать знания геномики и биоинформатики для объяснения важнейших биохимических процессов, протекающих в живых организмах, как в норме, так и при возникновении патологий; ориентироваться в вопросах, связанных с анализом нуклеиновых кислот и белков;	

1.4 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины: Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется с применением ЭО и ДОТ

URL-адрес и название электронного обучающего курса: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=13142..>

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	е
		1
Контактная работа с преподавателем:	0,89 (32)	
занятия лекционного типа	0,44 (16)	
практические занятия	0,44 (16)	
Самостоятельная работа обучающихся:	3,11 (112)	
курсовое проектирование (КП)	Нет	
курсовая работа (КР)	Нет	

3 Содержание дисциплины (модуля)

3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

		Контактная работа, ак. час.							
№ п/п	Модули, темы (разделы) дисциплины	Занятия лекционного типа		Занятия семинарского типа				Самостоятельная работа, ак. час.	
				Семинары и/или Практические занятия		Лабораторные работы и/или Практикумы			
		Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС
1.									
	1. Молекулярная генетика. Предмет и задачи. Объекты и методы. История развития.	1							
	2. Строение нуклеиновых кислот. Структура ДНК. Хроматин. Компактизация молекулы ДНК. Разнообразие форм ДНК. Структура и функции РНК	1							
	3. Репликация ДНК. Белки инициации репликации. Элонгация. Модель «тромбона». ДНК-полимеразы прокариот и эукариот. Терминация. Строение и функции теломер.	2							
	4. Репликация ДНК. Белки инициации репликации. Элонгация. Модель «тромбона». ДНК-полимеразы прокариот и эукариот. Терминация. Строение и функции теломер.	2							

<p>5. Строение гена. Геном эукариот. Особенности строения генов прокариот. Понятие оперона. Мозаичные гены эукариот. Свойства генов. Гены гистонов, рРНК, тРНК, гистонов. Структурные и функциональные гены. Строение генома эукариот. Избыточность генома. С-парадокс. Уникальные, умеренно- и высокоповторяющиеся последовательности. Неядерная ДНК эукариот. Строение ДНК хлоропластов и митохондрий.</p>	2							
<p>6. Трансляция. Биосинтез белка. Генетический код. Трансляция. Биосинтез белка. Генетический код и его свойства. Этапы биосинтеза белка. Активирование аминокислот. Аминоацетилирование тРНК. Инициация, элонгация и терминация трансляции. Ингибиторы и активаторы трансляции. Этапы биосинтеза белка. Ингибиторы трансляции.</p>	2							
<p>7. Мутации и репарация повреждений ДНК. Классификация мутаций. Основные положения мутационной теории. Генные, хромосомные и геномные мутации. Экзогенные и эндогенные мутагены. Полимеразная модель мутагенеза. Репарация повреждений ДНК (фотореактивация. прямая, эксцизионная, пострепликативная, mismatch, SOS репарации).</p>	2							

8. Методы молекулярно-генетических исследований. Полимеразная цепная реакция. Модификации ПЦР. Детекция результатов ПЦР. Методы фрагментного анализа ДНК. Молекулярное клонирование. Методы изучения последовательности ДНК.	2							
9. Молекулярно-филогенетическая систематика. История развития представлений о системе органического мира. Мегасистематика живых организмов. Трехдоменная система органического мира. Филогения прокариот. Филогенетическая система домена эукариоты Eucaryota. Молекулярная систематика высших растений.	2							
2.								
1. Молекулярная генетика. Строение нуклеиновых кислот. Структура ДНК. Хроматин. Компактизация молекулы ДНК. Разнообразие форм ДНК. Структура и функции РНК.			2					
2. Репликация ДНК. Белки инициации репликации. Элонгация. Модель «тромбона». ДНК-полимеразы прокариот и эукариот. Терминация. Строение и функции теломер.			2					
3. Транскрипция ДНК. Инициация, элонгация, терминация транскрипции. Факторы подавления и активации транскрипции у прокариот и эукариот. Созревание РНК: процессинг и сплайсинг. Альтернативный сплайсинг. Редактирование мРНК. Эпигенетические факторы регуляции экспрессии генов.			2					
4. Строение гена. Геном эукариот.			2					

5. Трансляция. Биосинтез белка. Генетический код и его свойства. Этапы биосинтеза белка. Активирование аминокислот. Аминоацетилирование тРНК. Инициация, элонгация и терминация трансляции. Ингибиторы и активаторы трансляции.			2					
6. Мутации и репарация повреждений ДНК. Классификация мутаций. Генные, хромосомные и геномные мутации. Источники мутаций. Репарация повреждений ДНК. Типы репарационных систем.			2					
7. Методы молекулярно-генетических исследований. Полимеразная цепная реакция. Модификации ПЦР. Методы фрагментного анализа ДНК. Молекулярное клонирование. Методы изучения последовательности ДНК.			2					
8. Молекулярно-филогенетическая систематика.			2					
3.								
1. Молекулярная генетика.							13	
2. Строение нуклеиновых кислот.							13	
3. Репликация ДНК.							13	
4. Транскрипция ДНК.							13	
5. Строение гена. Геном эукариот.							12	
6. Трансляция. Биосинтез белка.							12	
7. Мутации и репарация повреждений ДНК.							12	
8. Методы молекулярно-генетических исследований.							12	
9. Молекулярно-филогенетическая систематика.							12	
Всего	16		16				112	

4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

4.1 Печатные и электронные издания:

1. Сетков Н. А. Молекулярная биология клетки: учеб.-метод. пособие для самостоят. работы для студентов спец. 010708.65 «Биохимическая физика»(Красноярск: СФУ).
2. Кузнецов Вл. В., Кузнецов В. В., Романов Г. А. Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).
3. Попов В. В. Геномика с молекулярно-генетическими основами(Москва: URSS).
4. Кребс Д., Голдштейн Э., Килпатрик С. Гены по Льюину: научное издание(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
5. Нельсон Д., Кокс М. Основы биохимии Ленинджера: Т. 2. Биоэнергетика и метаболизм(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
6. Нельсон Д., Кокс М. Основы биохимии Ленинджера: Т. 1. Основы биохимии, строение и катализ(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
7. Нельсон Д., Кокс М. Основы биохимии Ленинджера: Т. 3. Пути передачи информации(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
8. Пирузян Э. С., Бутенко Р. Г. Основы генетической инженерии растений: монография(Москва: Наука).
9. Антонов А. С. Основы геносистематики высших растений: научное издание(Москва: Наука/Интерпериодика).
10. Инге-Вечтомов С. Г. Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов(Санкт-Петербург: Изд-во Н-Л).
11. Рыбчин В. Н. Основы генетической инженерии: учебное пособие для биологических специальностей вузов(Минск: Вышэйшая школа).
12. Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К. Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).

4.2 Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства (программное обеспечение, на которое университет имеет лицензию, а также свободно распространяемое программное обеспечение):

1. Работа осуществляется при помощи широкого спектра лицензионных программных продуктов, закупленных по программе развития СФУ, а также современных информационных технологий (электронные базы данных, Internet).

4.3 Интернет-ресурсы, включая профессиональные базы данных и информационные справочные системы:

1. Одной из крупнейших информационных систем в области биологии медицины, биофизики является Национальный центр биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information (NCBI), США (www.NCBI.nlm.nih.gov). БД NCBI являются достаточно сложным инстру-ментарием с разнообразным функционалом.
2. Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые мо-гут быть полезны при освоении тем дисциплины.
3. БД Nucleotide (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide>) объединяет дан-ные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по реги-страционному номеру, имени автора, наименованию организма, гено-ма/белка, а также ряду других параметров.
4. БД Protein (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) яв-ляется коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из GenBank, RefSeq и TPA, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
5. БД Structure (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml>) ор-ганизуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромо-лекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических моле-кул; к информации об их биологической активности и т. д.
6. БД Gene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представ-ляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра гено-мов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Мини-мальный набор данных в гене запись включает уникальный идентифика-тор, т. н. Gene-ID.
7. БД dbMHC (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init>) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные MajorHistocompatibilityComplex (MHC) для человека. БД dbMHC полностью интегрирована с другими ресурсами NCBI, а также с Международной ра-бочей группой гистосовместимости (IHWG).
8. DbSNP (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/>) – БД одиночных нуклео-тидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, вклю-чающая как гибридные данные, так и полученные только эксперименталь-ным путем.
9. БД ReferenceSequence (RefSeq) (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/>), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, ген-ной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организ-мов.

10. БД Genomic Biology представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для Fruitfly, Human, Malariaparasite, Mouse, Rat, Retroviruses, Zebrafish и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.
11. В БД UniGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/>) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.
12. HomoloGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene>) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.
13. Basic Local Alignment Search Tool (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/>) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.
14. Public repository Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»
15. GenBank (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html>) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. GenBank автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белково-ую структуру и другую информацию.
16. Для представления последовательностей в GenBank предложено два инструмента:
17. • BankIt – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
18. • Sequin – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.

19. Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в NCBI является поисковая система Search NCBI databases (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Она обеспечивает одновременный доступ как к нуклеотидным и белковым последовательностям (GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библио-графическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямо-го интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посред-ством использования стартовой страницы NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный пере-чень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить до-ступ к любой из перечисленных БД.
20. Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запро-сов в NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html>) и т. д., является сервис «My NCBI» ([http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/My NCBI/](http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/My%20NCBI/)). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его резуль-таты по электронной почте. Пользователи «My NCBI» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в NCBI, и управлять политикой общественного доступа.

5 Фонд оценочных средств

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

6 Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Аудиторный класс, наличие проектора для демонстрации наглядных пособий и экрана. Компьютерный класс, лицензионное программное обеспечение, Internet.