

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

Б1.В.01 Популяционная генетика

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

2023

Красноярск 2023

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили _____

д.б.н., Зав. кафедрой, Ямских Ирина Евгеньевна; к.б.н., Доцент,

Орешкова Наталья Викторовна

должность, инициалы, фамилия

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Целью изучения дисциплины является формирование у магистров представлений о популяции как основной единице микроэволюционного процесса, а также об основных методах популяционно-генетических исследований.

1.2 Задачи изучения дисциплины

Задачи изучения дисциплины заключаются в получении сведений о закономерностях наследования признаков в группах организмов, генетических процессах, происходящих в популяциях и методах их исследования.

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-1: Способен осуществлять выбор форм и методов научно-исследовательской деятельности в соответствии с профилем научного исследования | |
| ПК-1.1: Владеет: - методами анализа тенденций развития профильной области исследования - навыками определения гипотезы, целей и стратегии исследования; обобщения и представления результатов исследования, оценки их полноты, достоверности, новизны и перспектив практического применения - навыками формирования научных отчетов, публикаций и патентов | |
| ПК-1.2: Способен: - решать задачи, связанные с проведением исследований с использованием современных методических подходов и специализированного оборудования | |
| 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. | |

| | |
|--|--|
| <p>ПК-3.1: Умеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> - в полном объеме планировать и реализовывать проведение лабораторных молекулярно-генетических исследований живых организмов; - планировать и реализовывать проведение работ с биоинформационными ресурсами. | |
| <p>ПК-3.2: Владеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> - современными методами обработки и интерпретации генетической информации при проведении научных исследований; - методами обработки данных геномного секвенирования, полученных с разных платформ; способностью извлекать необходимые данные из банков генетических данных; - знаниями для обработки полученных результатов, анализа и осмысливания их с учетом имеющихся литературных данных. | |
| <p>ПК-3.3: Способен:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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=12439>.

2. Объем дисциплины (модуля)

| Вид учебной работы | Всего, зачетных единиц (акад.час) | е |
|--|--|---|
| | | 1 |
| Контактная работа с преподавателем: | 1,5 (54) | |
| занятия лекционного типа | 0,5 (18) | |
| лабораторные работы | 1 (36) | |
| Самостоятельная работа обучающихся: | 1,5 (54) | |
| курсовое проектирование (КП) | Нет | |
| курсовая работа (КР) | Нет | |
| Промежуточная аттестация (Экзамен) | 1 (36) | |

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. 1. Введение в популяционную генетику. Популяционная генетика: история, достижения, методы, значение. Основные термины популяционной генетики. | 1 | | | | | | | |
| | 2. 2. Наследование в популяции. Особенности генетического анализа на популяционном уровне. Нахождение генотипических и аллельных частот. Равновесное распределение частот генотипических классов при моногенных различиях в панмиктической популяции (закон Харди-Вайнберга). Условия выполнения закона Харди-Вайнберга. Применение. Наследование в панмиктической популяции в случае серии множественных аллелей. Наследование, сцепленное с полом. Дигенные различия в панмиктической популяции. | 2 | | | | | | | |

| | | | | | | | | |
|---|---|--|--|--|--|--|--|--|
| <p>3. 3. Отбор: основная модель и оценка отбора. Развитие некоторых генетических положений. Понятие балансирующего отбора. Формы отбора: движущий, деструктивный, стабилизирующий, половой. Дестабилизирующий отбор. Основная модель отбора. Отбор, приводящий к изменению генных частот в одном направлении (отбор против рецессивных и доминантных гомозигот). Отбор, приводящий к генетическому равновесию (преимущество и невыгодность гетерозигот)..</p> | 1 | | | | | | | |
| <p>4. 4. Мутации. Типы мутаций. Причины мутаций. Роль мутаций в эволюции. Изменение аллельной частоты под действием мутаций. Баланс мутаций и отбора. Мутации в конечной популяции. Оценка скорости мутирования.</p> | 2 | | | | | | | |
| <p>5. 5. Миграция или поток генов. Оценка генного потока и структура популяции. Генный поток и отбор.</p> | 1 | | | | | | | |
| <p>6. 6. Генетический дрейф и эффективный размер популяции. Популяционные волны и дрейф генов. Эффект «бутылочного горлышка». Эффект основателя. Эффективный размер популяции. Отбор в ограниченных популяциях.</p> | 2 | | | | | | | |
| <p>7. 7. Ассортативное скрещивание. Инбридинг и его оценка. Способы вычисления коэффициента инбридинга. Частичное и полное самооплодотворение. Бесполое размножение (апомиксис). Концепция генетического груза.</p> | 2 | | | | | | | |

| | | | | | | | | |
|---|---|--|--|--|--|--|--|--|
| <p>8. 8. Мультилокусные модели. Неравновесное сцепление генов и рекомбинация. Мультилокусный отбор. Понятие о гаметическом неравновесии. Рекомбинация и генетическая изменчивость. Генетический хичхайкинг. Выметание отбором. Фоновый отбор. Концепция генетического груза.</p> | 2 | | | | | | | |
| <p>9. 9. Неодарвинизм и теория нейтральности. Теория нейтральности и уровни молекулярной изменчивости, ожидаемые на её основе. Коалесценция и генетическая генеалогия.</p> | 2 | | | | | | | |
| <p>10. 10. Молекулярно-генетические методы анализа популяций. Количественная оценка генетической изменчивости. Количественная оценка генетической изменчивости: генетический полиморфизм, индексы разнообразия, число аллелей на локус, гетерозиготность, генетическое расстояние. Расчет индексов фиксации Райта. Аллоферментный анализ. Молекулярные методы в популяционной генетике. Характеристика, достоинства, недостатки и использование RFLP, RAPD, ISSR, SSR, ddRADseq, SNP методов. Причины ошибок генотипирования.</p> | 3 | | | | | | | |
| 2. | | | | | | | | |

| | | | | | | | | |
|--|--|--|--|--|----|--|---|--|
| 1. Методы анализа полиморфизма ДНК, используемые в популяционной генетике. Общая характеристика основных молекулярно-генетических методов, использующихся при изучении растений. Принципы, положенные в основу данных методов. | | | | | 2 | | | |
| 2. Подготовка образцов для анализов. Выделение ДНК из растений. Оценка концентрации и качества выделенной ДНК. | | | | | 8 | | | |
| 3. SSR-метод анализа ДНК. Области применения. Приготовление маточных растворов. Подбор праймеров и программ для амплификации. Электрофорез в полиакриламидном геле (ПААГ). | | | | | 16 | | | |
| 4. Генотипирование электрофоретических спектров в программе Photo-Capt. Знакомство с программой MICRO-CHECKER для выявления скрытых «нуль-аллелей». Расчет и оценка основных показателей генетической изменчивости особей внутри популяции или межпопуляционного взаимодействия с использованием программы GenAlEx 6.41. Описание генетической структуры популяций. Анализ сходства изученных популяций. | | | | | 10 | | | |
| 3. | | | | | | | | |
| 1. Введение в популяционную генетику. | | | | | | | 5 | |
| 2. Наследование в популяции. | | | | | | | 5 | |
| 3. Отбор: основная модель и оценка отбора. | | | | | | | 5 | |
| 4. Мутации. | | | | | | | 5 | |
| 5. Миграция или поток генов. | | | | | | | 5 | |

| | | | | | | | | |
|--|----|--|--|--|----|--|----|--|
| 6. Генетический дрейф и эффективный размер популяции. Генетический дрейф и эффективный размер популяции. | | | | | | | 5 | |
| 7. Ассортативное скрещивание. | | | | | | | 6 | |
| 8. Мультилокусные модели. Неравновесное сцепление генов и рекомбинация. | | | | | | | 6 | |
| 9. Неодарвинизм и теория нейтральности. | | | | | | | 6 | |
| 10. Молекулярно-генетические методы анализа популяций. Количественная оценка генетической изменчивости. | | | | | | | 6 | |
| Всего | 18 | | | | 36 | | 54 | |

4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

4.1 Печатные и электронные издания:

1. Попов В. В. Геномика с молекулярно-генетическими основами(Москва: URSS).
2. Кребс Д., Голдштейн Э., Килпатрик С. Гены по Льюису: научное издание(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
3. Ратнер В. А., Никоро З. С. Математическая популяционная генетика (элементарный курс): монография(Новосибирск: Наука. Сибирское отделение [СО]).
4. Кайданов Л. З., Инге-Вечтомов С. Г., Хромов-Борисов Н. Н. Генетика популяций: учебник для студентов вузов, обучающихся по направлению "Биология" и специальности "Биология" и "Генетика"(Москва: Высшая школа).
5. Ли Ч., Алтухов Ю. П., Животовский Л. А. Введение в популяционную генетику: перевод с английского(Москва: Мир).
6. Алтухов Ю. П., Животовский Л. А. Генетические процессы в популяциях: учебное пособие для вузов по направлению 510600 "Биология" и специальности 012100 "Генетика"(Москва: Академкнига).
7. Хедрик Ф. Генетика популяций: перевод с английского(Москва: Техносфера).
8. Фишер Р., Ванаг Л. С., Фукалова Е. И., Глотов Н. В. Генетическая теория естественного отбора: [монография](Москва: Регулярная и хаотическая динамика).
9. Инге-Вечтомов С. Г. Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов(Санкт-Петербург: Изд-во Н-Л).
10. Браун Т. А., Светлов А. А., Миронов А. А. Геномы(Москва: Институт компьютерных исследований).

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, свободно распространяемое программное обеспечение, а также современных информационных технологий (электронные базы данных, Internet).
- 2.

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 инструментарием с разнообразным функционалом.
2. Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.
3. БД Nucleotide (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide>) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.
4. БД Protein (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) является 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>) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.
6. БД Gene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, 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 рабочей группой гистосовместимости (IHWG).
8. DbSNP (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/>) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным 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, геномной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.

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, белковую 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 библиографическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посредством использования стартовой страницы NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.
20. Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в NCBI (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html>) и т. д., является сервис «My NCBI» (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/MyNCBI/>). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты 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.

Оборудование для лаборатории:

- вытяжной шкаф ЛАБ-1500 ШВ-Н, LOIP, Россия
- ламинарный бокс, В1Х407, ДНК-Технология, Россия
- ламинарный бокс с вертикальным потоком ВЛ, Сампо.
- ламинарный бокс BiosanDNA/RNAUV-cleaner, UVC/T-M-AR, Латвия.

- ламинарный бокс биологической безопасности 2 класса защиты типа А LamSistemas, Польша
- центрифуга с охлаждением 5415R, Eppendorf, Германия

- центрифуга с охлаждением 5417R Eppendorf, с роторами для микропробирок FA-45-24-11 и ПЦР-стрипов F-45-48-PCR в комплекте, Германия.
- центрифуга Вортекс Microspin FV 2400, BIOSAN, EU, Латвия
- центрифуга MiniSpin на 12 микропробирок, Eppendorf, Германия.
- система гель-документирования и анализа изображений Bio-RadGelDocXR с компьютером, США.
- трансиллюминатор ЕСХ-15.М, Франция
- видеосистема для документации результатов электрофореза GL-2 KPC -850 ВН, Биоклон, Россия
- камера для горизонтального ДНК гель-электрофореза, Bio-Rad Sub-cellGT, США.
- источник питания BioRadPowerPacUniversal(1-400 Вт, 0.01-500 мА, 20-5000 В), США.
- камеры для горизонтального и вертикального электрофореза Хеликон, Россия
- мешалка магнитная MR HEI-MIX-S, Германия
- ДНК-амплификатор Master Cycler 530BR, BIO-RAD, США
- многоканальный амплификатор "Терцик", ДНК-Технология, Россия
- амплификатор с функцией температурного градиента MAXYGENE Gradient Axygen, Axygen Scientific Inc., США
- амплификатор BioRad, C1000 thermal cycler, США.
- вертикальный низкотемпературный морозильник Sanyo Ultralow.
- морозильная камера Indesit SFR 167NF, Россия
- холодильник INDESIT 138 NF, Италия.
- холодильник Sanyo Biomedical freezer.
- весы аналитические AGN 200, AXIS, Польша
- весы лабораторные AG-500, AXIS, Польша
- лабораторные весы OHAUS«Adventurer»
- рН-метр лабораторный SevenEasy pH, AG1229265862, Mettler-Tolledo, Китай
- водонагреватель накопительный "Thermex" (80 л.), 50/V, Италия
- комплекты пипеток автоматических (0,1-2,5 мкл; 10-50 мкл; 10-200 мкл; 100-1000 мкл), Германия
- система очистки воды для изучения ДНК GFL-2008, Германия
- термостат твердотельный "Гном", ДНК-Технология, Россия
- термостат твердотельный TDB-120, термоблок А-53, 21x0,5 мл + 32x1,5 мл, Biosan, Латвия
- термошейкер TS-100, BIOSAN, EU, Латвия

- ротационный перемешиватель Multi RS-60 для перемешивания и экстракции в различных типах пробирок, 48 мест, Biosan, Латвия
- водяная баня-термостат Water thermostat-bath, Biosan, Латвия.
- спектрофотометр кюветный Bio-RadSmartSpecplus с кварцевыми кюветами на 0.1, 0.7, 1.4 и 3.5 мл, США.
- спектрофотометр NanoPhotometr P-330 P-Class, Германия
- флуориметр настольный Qubit 2.0 Invitrogen/Life Technologies, США
- флуориметр для количественного определения ДНК, РНК и содержания белка MaxLife, Россия.
- портативный флуориметр Quantus, Promega, США
- термомиксер Eppendorf Thermomixer Comfort с термоблоком для 0.5 мл пробирок, Германия.
- термостат для микропробирок и микропланшет Eppendorf ThermoStatplus с термоблоками для планшет и пробирок на 0.2, 0.5 и 1.5/2 мл, диапазон температур от +5°C до +99°C, Германия.
- вортекс Vortex-Gene 2, Scientific Industries, США.
- пипетки автоматические Gilson Pipetman (комплект из 5 штук: P-10, P-20, P-100, P-200, P-1000), США.
- выпариватель Labconco CentriVap Concentrator, США.
- компрессор Labconco CentriVap Cold Trap, США.
- система облучения Bio-Link/BLX, 254 нм, Vilber Lourmat, Польша
- дизельный генератор FG Wilson P14-6S, обеспечивающий бесперебойную работу всей геномной лаборатории, Китай
- стеклянная посуда (колбы, стаканы), Россия
- микроволновая печь Samsung.