

Федеральное государственное бюджетное образовательное
учреждение высшего образования
«МОСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ М.В.ЛОМОНОСОВА»

ФИЛИАЛ МГУ В Г. ГРОЗНОМ

УТВЕРЖДАЮ
Заместитель директора филиала – руководитель
образовательных программ

А. С. Воронцов



« 20 » Г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Наименование дисциплины:

Дисциплина специализации «Биотехнология» по выбору студента:

Молекулярные методы клеточной биологии

Уровень высшего образования:

Специалитет

Специальность:

06.05.02 Фундаментальная и прикладная биология

Направленность (профиль)/специализация образовательной программы:

Биотехнология

Форма обучения:

Очная

Москва 2024

Рабочая программа дисциплины разработана в соответствии с самостоятельно установленным МГУ образовательным стандартом (ОС МГУ) для реализуемых основных профессиональных образовательных программ высшего образования по специальности 06.05.02 «ФУНДАМЕНТАЛЬНАЯ И ПРИКЛАДНАЯ БИОЛОГИЯ» (образовательная программа специалитета «Биотехнология»).

ОС МГУ утвержден решением Ученого совета МГУ имени М.В.Ломоносова 20.01.2022 года.

Год приема на обучение 2024.

1. Место дисциплины в структуре ОПОП

Дисциплина относится к части ОПОП ВО устанавливаемой участниками образовательных отношений, раздел учебного плана: Вариативная часть, блок: «Дисциплины специализации», реализуется в 10 семестре.

Цели и задачи дисциплины:

Целью дисциплины является ознакомление обучающихся с современными методическими и информационными подходами, используемыми для биологических исследований на молекулярном уровне, включая методы определения и аннотации нуклеотидной последовательности геномов, а также подходы для анализа пространственной структуры, свойств и функций макромолекул. Обучающиеся освоят использование информационных баз данных и изучат основы создания генетических конструкций, необходимых для экспериментальной работы в области клеточной биологии.

2. Входные требования для освоения дисциплины

Для освоения дисциплины «Молекулярные методы клеточной биологии» студент должен обладать знаниями по биохимии, цитологии. Перед началом освоения дисциплины студент должен изучить дисциплины по цитологии, биохимии, основам молекулярной биологии.

3. Планируемые результаты обучения по дисциплине, соотнесенные с требуемыми компетенциями выпускников

Компетенция	Индикатор достижения компетенции	Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю), соотнесенные с индикаторами достижения компетенций
СПК-2 Владеет методами базовых лабораторных исследований в области генетической модификации промышленных микроорганизмов и применяет их в практической деятельности	СПК-2.1. Применяет методы базовых лабораторных исследований в области биотехнологий в практической деятельности	Знает: <ul style="list-style-type: none"> основы методов, используемых в молекулярных биотехнологиях Умеет: <ul style="list-style-type: none"> выбирать и конструировать необходимые генноинженерные системы для решения конкретных задач

		Владеет: <ul style="list-style-type: none"> • навыками использования научной терминологии, в том числе англоязычной, необходимой для понимания научной литературы и ведения научных дискуссий.
--	--	--

4. Объем дисциплины

Объем дисциплины - 3 з.е. (108 ак.ч), из них 36 ак.ч - контактная работа обучающихся с преподавателем на занятиях семинарского типа. Самостоятельная работа обучающихся – 72 ак.ч. Форма промежуточной аттестации – экзамен и зачет в 10 семестре.

5. Форма обучения – очная.

6. Содержание дисциплины, структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических или астрономических часов, и виды учебных занятий

№ п/п	Наименование и содержание разделов и тем дисциплины	Занятия семинарского типа, ак.ч.	Самостоятельная работа, ак.ч.	Форма текущего контроля успеваемости
1	<p>Раздел 1. Расшифровка нуклеотидных последовательностей и получение геномной информации из международных баз данных (NCBI и EMBL).</p> <p>Секвенирование по Сэнгеру и Максаму-Джилберту. Секвенаторы нового поколения, полупроводниковое секвенирование. Извлечение нуклеотидной последовательности из банка данных (NCBI и EMBL). Поиск потенциальных промоторов (программа PlatProm и др.) и терминаторов транскрипции. Поиск открытых рамок считывания (ORF-Finder). Получение информации о генетическом окружении (генетические карты NCBI).</p>	8	16	Домашнее задание, контрольная работа, опрос
2	<p>Раздел 2. Полногеномный анализ ДНК-белковых и белок-белковых взаимодействий. Методы идентификации белков.</p>	8	16	Домашнее задание, контрольная работа,

	Анализ распределения сайтов связывания белков на геномной ДНК с помощью иммунопреципитации хроматина (ChIP-on-chip и ChIP-seq).			опрос
3	Раздел 3. Работы с базами данных для анализа белков или нетранслируемых РНК, моделирование их пространственной структуры и предсказание биологической функции. Поиск гомологичных белков (BLAST и др.). Выравнивание последовательностей белков, ДНК и РНК, (Clustal, Toffee), поиск консервативных модулей. Филогенетический анализ (Mega, TreeView). Предсказание трёхмерной структуры и доменной организации белков (Phyre2).	8	16	Домашнее задание, контрольная работа, опрос
4	Раздел 4. Системы для экспрессии рекомбинантных белков. Клонирование генов. Типы экспрессионных векторов. Принципы подбора праймеров для клонирования. Особенности работы с эукариотическими генами: учёт интрон-экзонной структуры, нуклеосомной упаковки и информации о транскрибируемых в исследуемом биологическом объекте участках генома.	8	16	Домашнее задание, контрольная работа, опрос
5	Раздел 5. Методы удаления и временной инактивации генов. Нокаут бактериальных и эукариотических генов. Получение трансгенных организмов.	4	8	Домашнее задание, контрольная работа, опрос
	ВСЕГО	36	72	

7. Фонд оценочных средств для оценивания результатов обучения по дисциплине

7.1. Перечень оценочных средств

Компетенция	Результат обучения по дисциплине (модулю)	Оценочные средства
ОПК-2. Способен планировать и проводить биологические эксперименты, наблюдение, описание, идентификацию, классификацию и культивирование биологических объектов, опираясь на знание их структурной и функциональной организации, механизмов	Знает: <ul style="list-style-type: none"> основы методов, используемых в молекулярных биотехнологиях Умеет: <ul style="list-style-type: none"> выбирать и конструировать необходимые генноинженерные системы для решения конкретных задач Владеет:	<ul style="list-style-type: none"> Контрольные работы, Вопросы для текущей и промежуточной аттестации

<p>жизнедеятельности, используя современное оборудование, информационные технологии и профессиональные базы данных, физико-химические методы и методы моделирования, соблюдая требования биоэтики, техники безопасности и информационной безопасности;</p>	<ul style="list-style-type: none"> • навыками использования научной терминологии, в том числе англоязычной, необходимой для понимания научной литературы и ведения научных дискуссий. 	
--	--	--

7.2. Типовые задания и иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения

Примерный перечень вопросов для текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации

1. Секвенирование по Сэнгеру и Максаму-Джилберту. Секвенаторы нового поколения, полупроводниковое секвенирование.
2. Извлечение нуклеотидной последовательности из банка данных (NCBI и EMBL)
3. Поиск потенциальных промоторов (программа PlatProm и др.) и терминаторов транскрипции.
4. Поиск открытых рамок считывания (ORF-Finder). Получение информации о генетическом окружении (генетические карты NCBI). Поиск гомологичных генов (BLAST и др).
5. Поиск информации о потенциальных регуляторах транскрипции (RegulonDB, TRRD).
6. Анализ распределения сайтов связывания белков на геномной ДНК с помощью иммунопреципитации хроматина (ChIP-on-chip и ChIP-seq).
7. Идентификация белков с использованием MALDI-TOF масс-спектрометрии.
8. Поиск гомологичных белков (BLAST и др.).
9. Выравнивание последовательностей белков, ДНК и РНК, (Clustal, Toffee), поиск консервативных модулей.
10. Филогенетический анализ (Mega, TreeView).
11. Предсказание трёхмерной структуры и доменной организации белков (Phyre2).
12. Предсказание межбелковых взаимодействий (STRING).
13. Предсказание внутриклеточной локализации (PSORTII и SignalP) и биологической функции (BLAST и др.).
14. Анализ структуры молекул РНК (RNA structure), структурное выравнивание последовательностей регуляторных РНК и их потенциальных мишеней (Tcoffee R-Coffee).
15. Клонирование генов. Типы экспрессионных векторов. Принципы подбора праймеров для клонирования.
16. Суперпродукция целевого белка. Белки, используемые в системах репортерной детекции. Транскрипционное и трансляционное слияние генов.
17. Нокаут бактериальных и эукариотических генов.
18. Получение трансгенных организмов.

19. Использование антисмысловых и малых интерферирующих РНК (siRNA) для временного «выключения» целевого гена.

7.3. Описание показателей, критериев и шкал оценивания

Шкала оценивания сформированности компетенций

Уровень сформированности компетенции	Баллы	Оценка в 5-ти балльной шкале	Оценка на зачете
недостаточный	Менее 20	неудовлетворительно	не зачтено
базовый	20-26	удовлетворительно	зачтено
Высокий (повышенный)	27-32	хорошо	
Продвинутый (повышенный)	33-40	отлично	

ШКАЛА И КРИТЕРИИ ОЦЕНИВАНИЯ результатов обучения по дисциплине (модулю) (*оценка сформированности компетенций дается в соответствии со шкалой выше)				
Результат обучения \ Оценка	2 (не зачтено)	3 (зачтено)	4 (зачтено)	5 (зачтено)
Знания (приведены в п.3.)	Отсутствие знаний	Фрагментарные знания	Общие, но не структурированные знания	Сформированные систематические знания
Умения (приведены в п.3.)	Отсутствие умений	В целом успешное, но не систематическое умение	В целом успешное, но содержащее отдельные пробелы умение (допускает неточности не принципиального характера)	Успешное и систематическое умение
Навыки /владения/опыт деятельности (приведены в п.3.)	Отсутствие навыков (владений, опыта деятельности)	Наличие отдельных навыков	В целом, сформированные навыки (владения), но используемые не в активной форме	Сформированные навыки (владения), применяемые при решении задач

8. Ресурсное обеспечение

8.1. Перечень учебной литературы

1. А Леск Введение в биоинформатику. Пер. с англ. – М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с.
2. Х.Д.Хельтге, В. Зиппль, Д. Роньян, Г. Фолькерс Молекулярное моделирование (теория и практика) М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2010.- 318 с:
3. Handbook of Maize. Genetics and Genomics. (Bennetzen J.L., Hake S. Eds.) Springer, 2009.

8.2. Перечень лицензионного и(или) свободно распространяемого программного обеспечения, в том числе отечественного производства

1. Яндекс Браузер
2. Libre Office
3. Adobe Acrobat Reader
4. Windows,
5. Google Chrome
6. MS Office

8.3. Описание материально-технической базы

Для освоения дисциплины требуется свободный доступ к сети Интернет, а также:

- Аудитории для проведения лекционных, семинарских и практических занятий, текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации
 - А. Помещения: аудитории для проведения лекционных/семинарских/практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации: учебная аудитория филиала МГУ в г. Грозном;
 - Б. Оборудование: наборы ученической мебели, рабочее место преподавателя, компьютеры, проектор, экран, доска.

9. Язык преподавания

Русский.

10. Преподаватели

Профессорско-преподавательский состав Биологического факультета МГУ.

11. Разработчик программы

Онищенко Г.Е. - Заведующая кафедрой клеточной биологии и гистологии биологического факультета МГУ имени М.В. Ломоносова, доктор биологических наук, профессор.