

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:

Молекулярная генетика

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 обязательной части ОПОП ВО, раздел учебного плана: Вариативная часть, реализуется в 4 семестре.

Дисциплина «Молекулярная генетика» предназначена для формирования у студентов комплекса знаний, умений и навыков в области молекулярной биологии. В результате изучения дисциплины студент должен: знать основные классы биологических макромолекул, их функции и пути образования; уметь критически оценивать методы выделения, очистки и анализа биологических макромолекул и анализировать полученные с их помощью результаты.

Дисциплина «Молекулярная биология» предваряет дисциплину «Основы молекулярной биологии» и работу студентов над ВКР.

Цели освоения дисциплины

В результате освоения дисциплины обучающийся должен знать основные классы биологических макромолекул, их функции и пути образования; уметь критически оценивать методы выделения, очистки и анализа биологических макромолекул и анализировать полученные с их помощью результаты.

2. Входные требования

Перед началом освоения дисциплины «Молекулярная биология» студент должен изучить дисциплины «Общая химия», «Органическая химия», «Физическая химия», «Цитология», «Математические методы в биологии», «Биохимия».

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
ОПК-1. Способен применять знание о разнообразии, развитии и эволюции биологических объектов различных уровней организации для решения профессиональных задач в полевых и	ОПК-1.9. Использует знания о биологических макромолекулах, их функциях и путях образования для осуществления профильной экспериментальной деятельности.	Знает: <ul style="list-style-type: none"> основные классы биологических макромолекул, их функции и пути образования Умеет: <ul style="list-style-type: none"> анализировать современную научную информацию для

<p>лабораторных условиях, в том числе с привлечением современных методов структурной биологии, биоинформатики, математического и молекулярного моделирования; способен понимать значение биоразнообразия для устойчивости биосферы.</p>		<p>адекватного планирования собственных исследований</p> <p>Владеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> • навыками критически оценивать методы выделения, очистки и анализа биологических макромолекул и анализировать полученные с их помощью результаты
<p>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 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>	<p>ОПК-2.12. Применяет знания о методах исследования биологических макромолекул, их функций и путей образования для осуществления профильной экспериментальной деятельности</p>	<p>Знает:</p> <ul style="list-style-type: none"> • основные экспериментальные способы выделения биологических макромолекул из живых организмов и их анализа <p>Умеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> • выделять биологические макромолекулы из живых организмов и анализировать их <p>Владеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> • навыками выбирать методы выделения биологических макромолекул из живых организмов и их анализа, наиболее пригодные для решения конкретных экспериментальных задач

4. Объем дисциплины

Объем дисциплины - 4 з.е. (144 ак.ч), из них 48 ак.ч - контактная работа обучающихся с преподавателем на занятиях лекционного типа (лекции - 24 ак.ч) и на занятиях семинарского типа (лабораторные занятия – 24 ак.ч). Самостоятельная работа обучающихся – 96 ак.ч. Форма промежуточной аттестации – зачет (4 семестр).

5. Форма обучения – очная

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

№ п/п	Раздел/тема дисциплины	Контактная работа (работа во взаимодействии с преподавателем) Виды контактной работы, ак.ч.		Самостоятельная работа обучающегося, ак.ч.
		Занятия лекционного типа (Лекции)	Занятия семинарского типа (Лабораторные занятия)	
1	Клеточные процессы, связанные с хранением и передачей генетической информации	4	4	12
2	Транскрипция	4	4	12
3	Компаративная организация эукариотического ядра	2	2	9
4	Пост-транскрипционные преобразования РНК	2	2	9
5	Центральная догма молекулярной биологии и мир РНК. Основные принципы структуры РНК	2	2	9
6	Активация аминокислот и связывание с рибосомой	2	2	9
7	Транспептидация и транслокация	2	2	9
8	Инициация трансляции	2	2	9
9	Регуляция трансляции	2	2	9
10	Терминация трансляции	2	2	9
Итого:		24	24	96

6.1. Содержание дисциплины по разделам/темам

Тема 1. Клеточные процессы, связанные с хранением и передачей генетической информации.

Эксперименты, продемонстрировавшие генетическую роль ДНК, Структура молекулы ДНК: комплементарные пары оснований Уотсона и Крика, двойная спираль ДНК (В, А и Z-формы двойной спирали. Большая и малая бороздки ДНК. Значение доноров и акцепторов водородных связей, экспонированных в бороздках. Узнавание последовательностей ДНК белками. Комплементарные пары оснований Хугстина. Неканонические формы ДНК. Триплексы и параллельная ДНК. Суперспирализация ДНК и ферменты, контролируемые уровень суперспирализации

Доказательство полуконсервативного характера репликации ДНК. Двунправленная репликация. Полимеразы I, II и III E.coli. Полимеразы, участвующие в репликации, характеристика их ферментативных активностей. Точность воспроизведения ДНК. Субъединицы полимеразы III. Понятие о процессивности ДНК полимераз. Роль β-зажима в обеспечении процессивности ДНК-полимеразы III. Вилка

репликации, "ведущая" и "отстающая" нити при репликации. Фрагменты Оказаки. Сборка мультиферментного комплекса на репликационной вилке. Инициация репликации ДНК у *E.coli*. Структура участка начала репликации.

Репликативные ДНК-полимеразы эукариот. Комплекс белков в репликационной вилке. Особенности "процессинга" фрагментов Оказаки у эукариот. Инициация репликации ДНК в эукариотических клетках Автономно-реплицирующиеся последовательности (ARS) у дрожжей. Белки ORC и MCM. Методы установления позиций участков начала репликации в геномах низших и высших эукариот. Особенности участков начала репликации ДНК высших эукариот. Стохастический выбор участков начала репликации, которые будут активированы. Роль фосфорилирования белков MCM в запуске репликации. Молекулярные механизмы, препятствующие новой инициации репликации до завершения клеточного цикла. Репликация концевых участков линейных хромосом. Теломера, теломераза и комплексы белков, регулирующие активность теломеразы

Понятие о репликонах. Доказательство одновременной инициации ДНК в нескольких местах эукариотической хромосомы. Размер репликонов, скорость движения репликативных вилок. Методы изучения организации индивидуальных областей генома в репликоны. Пространственная организация репликонов (фокусы репликации). Ранние и поздние репликоны. Методы определения времени репликации индивидуальных генов по ходу S-фазы. Механизмы, контролирующие время репликации. Молекулярные механизмы, координирующие клеточный цикл и репликацию ДНК. Понятие о "сверточных точках" (checkpoints). Циклины и протеинкиназы. Значение контролируемой убиквитинилированием деградации белков в процессе выхода клеток из митоза.

Типы повреждений ДНК и стратегии их репарации. Прямая репарация тиминовых димеров и метилированного гуанина. Вырезание оснований. Гликозилазы. Вырезание (эксцизия) поврежденных нуклеотидов. Ферменты, осуществляющие эксцизионную репарацию у прокариот и эукариот. Механизм репарации, направленный на исправление активно транскрибируемых генов. Механизм репарации неспаренных нуклеотидов (mismatch репарация). Выбор репарируемой нити ДНК. SOS-репарация. Свойства ДНК полимераз, участвующих в SOS-репарации у прокариот и эукариот. Репарация двухнитевых разрывов: гомологичная пострепликативная рекомбинация и соединение негомологичных концов молекулы ДНК. Сигналы, обеспечивающие репарацию двухнитевых разрывов и задержку репликации ДНК до завершения репарации. Болезни, обусловленные дефектами разных систем репарации.

Двухнитевые разрывы ДНК, инициирующие рекомбинацию. Структура Холлидея в модели рекомбинации. Миграция ветви, гетеродуплексы, "разрешение" структуры Холлидея. Энзимология рекомбинации у *E.coli*. RecBCD комплекс. Катализируемая RecA белком. инвазия "активного" 3'-конца однонитевой ДНК в двойную спираль. Особенности "миграции ветви". Ферменты, участвующие в миграции ветви и разрешении структуры Холлидея. Роль рекомбинации в обеспечении синтеза ДНК при повреждениях ДНК, прерывающих репликацию. Рекомбинация у эукариот. Ферменты рекомбинации у эукариот. Ортологи RecA белка. Генная конверсия. Локус спаривания у дрожжей, переключение типов спаривания.

Сайт-специфическая рекомбинация ДНК. Различия молекулярных механизмов общей и сайт-специфичной рекомбинации. Классификация рекомбиназ. Типы хромосомных перестроек, осуществляемых при сайт-специфичной рекомбинации. Биологическое значение сайт-специфичной рекомбинации у бактерий. Геномное редактирование с использованием ферментов сайт-специфической рекомбинации.

Определение размеров генома с использованием анализа кинетики ренатурации. Уникальные и повторяющиеся последовательности. Основные классы

повторяющихся последовательностей в геномах позвоночных животных. Проект «Геном человека» и методы современной геномики. Современные подходы к секвенированию ДНК.

IS-последовательности бактерий, их структура. Простые и сложные транспозоны бактерий. Прямой нерепликативный и репликативный механизмы транспозиций. Резольваза и ее функции при репликативной транспозиции. ДНК-транспозоны у эукариот. Двухкомпонентная система ДНК-транспозонов: автономный и дефектный транспозоны. Представление о горизонтальном переносе транспозонов и их роли в структурных перестройках (эктопическая рекомбинация) и в эволюции генома.

Классификация ретроэлементов. Различие механизмов перемещения элементов с длинными концевыми повторами (ретротранспозонов и ретровирусов) и LINE-элементов. SINE элементы в геномах позвоночных животных. Специфика распределения LINE и SINE элементов между активными и неактивными областями генома. Ретротранспозоны и эволюция геномов. Ретрогены, или “процессированные гены” и псевдогены.

Тема 2. Транскрипция.

РНК полимеразы E. Coli: минимальный фермент и холофермент. Промоторы и роль сигма-фактора в узнавании промоторов. Сборка преинициаторного комплекса, освобождение промотора и элонгация. Паузирование работы РНК полимеразы и механизмы выхода из паузы. Терминация транскрипции у прокариот. Регуляция транскрипции прокариотических генов. Катаболические и анаболические опероны. Лактозный оперон. Репрессор и индуктор, модель Жакоба и Моно. CAP белок и позитивная регуляция транскрипции. Регуляция работы анаболических оперонов. “Рибопереключателы”.

преждевременной терминации и рибопереключателы.

Эукариотические РНК полимеразы. Промоторы РНК полимеразы II. Сборка преинициаторного комплекса РНК полимеразы II. Общие транскрипционные факторы, необходимые для посадки РНК полимеразы II на промоторы. Энхансеры и сайленсеры. Механизм действия энхансеров. Тканеспецифические транскрипционные факторы. Ядерные рецепторы гормонов, как особый класс транскрипционных факторов. Промоторы РНК полимераз I и III. Сборка преинициаторных комплексов на этих промоторах

Структура нуклеосомы. Основные и варианты формы гистонов. Модификации гистонов и гистоновый код. Активный хроматин. Предпочтительная чувствительность активных генов к DNKазе. Роль ацетилирования гистонов в активации хроматина. Доменная гипотеза организации эукариотического генома в хроматине. Неактивные хроматиновые домены. Механизм формирования конститутивного гетерохроматина. Роль CpG метилирования ДНК в инактивации генов. Профили модификаций хроматина в регуляторных участках генома (промоторах, энхансерах, сайленсерах). Ферментные комплексы, вносящие пост-трансляционные модификации в гистоны. Позиционирование нуклеосом по отношению к последовательностям ДНК, «фэйзинг» и «спейсинг»; Комплексы ремоделирования хроматина. Транскрипция «через» нуклеосомы. Репликация хроматина. Пространственная организация эукариотического генома и методы ее изучения (фиксация конформации хромосомы и полногеномные варианты этой процедуры – 4C, Hi-C). Топологически-ассоциированные домены в интерфазных хромосомах. Пространственные контакты между удаленными геномными элементами. Активаторные хроматиновые блоки/компартамнты.

Тема 3. Компартиментализация эукариотического ядра.

Ядрышко и другие ядерные компартменты. Транскрипционные и репликационные фабрики. Позиционирование интерфазных хромосом в клеточном ядре (хромосомные территории). Пространственная организация эукариотического генома. Архитектурная роль РНК (платформа для сборки некоторых ядерных компартментов). Изучение динамики ядерных компартментов с использованием флуоресцентных белков.

Тема 4. Пост-транскрипционные преобразования РНК.

Сплайсинг, типы интронов и механизм вырезания интронов. Механизмы сплайсинга. Роль малых ядерных РНК и белковых факторов. Сплайсосома. Альтернативный сплайсинг. Энхансеры сплайсинга. Биологическая роль альтернативного сплайсинга. "Контроль качества" пре-мРНК в ядре. Сопряжение транскрипции и сплайсинга. «Кэппирование» и полиаденилирование РНК. Редактирование РНК.

Тема 5. Центральная догма молекулярной биологии и мир РНК. Основные принципы структуры РНК.

Принцип комплементарности в структуре ДНК, ее редупликации и транскрипции. Поток генетической информации ДНК → РНК → белок. Информационная (кодирующая) РНК, или мРНК. Некодирующие РНК: открытие, основные виды (рибосомные РНК, тРНК). Малые не кодирующие РНК. Современный мир РНК.

Генетические и негенетические функции РНК.

Комплементарное воспроизведение первичной структуры в реакциях репликации и обратной транскрипции. Кодирование первичной структуры полипептидов (белков). Пространственное структурообразование. Функции специфического узнавания и связывания лигандов. Каталитические функции.

Древний мир РНК и происхождение жизни. Гипотеза А.И. Опарина о первичном возникновении белков и ее основной недостаток. Гипотеза о первичном возникновении мира РНК. Элонгация и компартментализация РНК; колонии РНК. Циклы амплификации и селекции РНК. Коммунальный характер мира РНК. Гипотеза К. Вуза (С. Woese) о коммунальном универсальном предшественнике живых существ. Возникновение биосинтеза белка на базе мира РНК. Происхождение ДНК из РНК и закрепление универсального генетического кода. Происхождение трех основных ветвей живых существ из мира РНК.

Основные принципы структуры РНК. Первичная структура. Модифицированные основания. Одноцепочечность. Вторичная структура: формирование коротких двойных спиралей за счет взаимодействия смежных участков внутри цепи. А-форма двойной спирали РНК. Принцип комплементарности и отклонения от него. «Дефекты» коротких двойных спиралей и отклонения от двуспиральной структуры. «Тетралупы». Псевдоузлы. Тройные взаимодействия. Третичная структура: компактное сворачивание полирибонуклеотидной цепи, дальние комплементарные взаимодействия, спираль-спиральные взаимодействия, формирование крупных доменов.

Структурные особенности основных видов РНК и РНП. Структура тРНК. Структура рибосомных РНК. Структура рибосом. Локализация рибосом в клетке. Прокариотический и эукариотический типы рибосом; 70S и 80S рибосомы. Морфология рибосом. Подразделение на субчастицы (субъединицы); диссоциация. Тонкая морфология субчастиц. Рибосомные белки: разнообразие, разделение, номенклатура, особенности структуры. Разборка («раздевание») субчастиц; кооперативный характер диссоциации белков. Самосборка, ее последовательные

этапы, независимое формирование РНП-доменов. Разворачивание субчастиц; ступенчатый характер разворачивания. Периферийное расположение белков на компактных ядрах РНК. Идентификация рибосомных белков на поверхности рибосомы методом иммунной электронной микроскопии. РНК-РНК-контакты при ассоциации рибосомных субчастиц. Рентгеноструктурный анализ рибосомных субчастиц и полных 70S рибосом. Информационная (кодирующая) РНК, или мРНК. История расшифровки генетического кода. Основные свойства кода: триплетность, код без запятых, вырожденность. Особенности кодового словаря, семьи кодонов, смысловые и «бессмысленные» кодоны.

Тема 6. Активация аминокислот и связывание с рибосомой.

Активация аминокислот Химические реакции, приводящие к образованию пептидной связи в процессе биосинтеза белка. Активация аминокислоты в реакции с АТФ; образование аминоациладенилата. Перенос аминоацильного остатка на тРНК. Аминоацил-тРНК-синтетазы. Активные центры синтетаз и их специфичность. Принцип «реактивности половины центров» при функционировании синтетаз. Два класса аминоацил-тРНК-синтетаз, их структурные и функциональные различия. Участки взаимодействия молекул тРНК с аминоацил-тРНК-синтетазами; различия двух классов.

Эпицикл трансляции и рабочий элонгационный цикл. Эпицикл трансляции: инициация, элонгация и терминация. Полирибосома. Сопряженная транскрипция-трансляция у прокариот. Рабочий элонгационный цикл рибосомы; три основные этапа цикла. Парциальные функции рибосомы в ходе трансляции. Локализация функциональных центров рибосомы. А, Р и Е участки связывания тРНК. Полярность считывания матрицы (мРНК) в ходе трансляции.

Кодон-зависимое связывание аминоацил-тРНК в элонгационном цикле. Адапторная гипотеза Ф. Крика (1955) и ее экспериментальное доказательство (1962 – 1963). Кодон-антикодонное взаимодействие. Гипотеза Ф. Крика о неоднозначном взаимодействии первого положения антикодона с третьим положением кодона (1966). Характер вырожденности генетического кода как основная фактическая предпосылка гипотезы. Физические предпосылки гипотезы. Таблица взаимодействий первого положения антикодона. Особенности митохондриального кода и взаимодействий первого положения антикодона. Отклонения от универсальности генетического кода в митохондриях и у некоторых бактерий и простейших эукариот.

Участие фактора элонгации EF1 (EF-Tu) в связывании аминоацил-тРНК с рибосомой. Структура EF1 (EF-Tu), его взаимодействия с ГТФ и ГДФ и его структурные переходы («закрытая» и «открытая» конформации). Связывание аминоацил-тРНК комплексом EF1 (EF-Tu) с ГТФ, образование тройственного комплекса. EF1 (EF-Tu) как катализатор этапа связывания аминоацил-тРНК. Нерасщепляемые и медленно расщепляемые аналоги ГТФ; их эффект на этап связывания аминоацил-тРНК с рибосомой. Роль гидролиза ГТФ в процессе связывания. Фактор элонгации EF1B (EF-Ts), его функция, последовательность реакций с его участием. Антибиотики, воздействующие на этап кодон-зависимого связывания аминоацил-тРНК с рибосомой. Аминогликозидные антибиотики (стрептомицин, неомицин, канамицин, гентамицин и др.), механизм их действия. Тетрациклины как ингибиторы связывания аминоацил-тРНК с рибосомой. Механизмы устойчивости к тетрациклинам.

Ложное кодирование и сдвиги рамки считывания на этапе кодон-зависимого связывания аминоацил-тРНК с рибосомой. Трансляция полиуридилловой кислоты, ложное включение аминокислот в полифенилаланиновую цепь. Прочитывание «бессмысленных» (терминирующих) кодонов. Основные закономерности ложного кодирования. Кинетические основы ложного кодирования. Кинетическая коррекция («редактирование») ложного кодирования. Факторы, стимулирующие ложное

кодирование. Сдвиг рамки считывания: +1 и –1 сдвиги. Последствия сдвига. Сдвиг рамки при синтезе антизима орнитин-декарбоксилазы.

Особенности кодирования и включения селеноцистеина в полипептидную цепь белка в процессе элонгации. Образование селеноцистеинил-тРНК из серил-тРНК. Связывание селеноцистеинил-тРНК терминирующим кодоном UGA. Необходимость специального структурного элемента – специальной «шпильки» на мРНК вслед за UGA у прокариот или специальной структуры в 3'-нетранслируемой области мРНК у эукариот. Участие специального фактора элонгации SELB – аналога и гомолога EF1 (EF-Tu).

Тема 7. Транспептидация и транслокация.

Транспептидация Химия реакции. Пептидил-трансферазный центр большой рибосомной субчастицы; рибозимный катализ. Тетраэдрический интермедиат реакции транспептидации, стереохимия его образования и распада. Ингибиторы транспептидации: хлорамфеникол, линкомицин, амицетин, стрептограмин, анизомицин. Механизм действия пурамицина.

Транслокация. Определение транслокации, физические события транслокации, экспериментальные тесты. Участие фактора элонгации EF2 (EF-G) с ГТФ. Доменная структура EF-G; особенности домена IV. «Молекулярная мимикрия» (сходство EF-G с комплексом EF-Tu:Aa-tRNA. «Энзиматическая» и «неэнзиматическая» (бесфакторная) транслокация. Основные следствия открытия бесфакторной транслокации: транслокация как свойство рибосомы, термодинамическая спонтанность транслокации, каталитическая функция EF-G, зависимость конформационного катализа от ГТФ. Ингибиторы транслокации: фусидовая кислота, виомицин, их механизмы действия.

Ошибки транслокации. «Непотриплетная» транслокация: проскальзывание по гомополимерному участку мРНК, соскальзывание на смежный триплет, «прыжок» через несколько нуклеотидов мРНК. Транслокационный сдвиг рамки. Соскальзывание и сдвиг рамки при трансляции RF2-мРНК. «Прыжок» при трансляции мРНК гена топоизомеразы фага T4. «Прыжок» с домена тРНК на домен мРНК в случае тмРНК («транс-трансляция»).

Тема 8. Инициация трансляции.

Функциональное назначение инициации трансляции. Участники процесса инициации. Основные этапы процесса инициации. Инициация трансляции у прокариот: факторы инициации, инициаторные кодоны, 3'-конец РНК малой рибосомной субчастицы и последовательность Шайна- Дальгарно в мРНК; «сила» мРНК. Независимая инициация и трансляционное сопряжение (индуцированная инициация и скольжение-реинициация) на полицистронных мРНК прокариот. Инициация трансляции у эукариот: факторы инициации, инициаторные кодоны, 5'-нетранслируемая область и кэп-зависимая «концевая» инициация. Сканирование 5'-нетранслируемой области. Возможность шунтирования участков 5'-нетранслируемой области при сканировании (РНК мозаики цветной капусты). «Внутренняя» кэп-независимая инициация у эукариот. Последовательность событий эукариотической инициации; 43S и 48S инициаторные комплексы рибосомы. Цикл инициаторных факторов eIF2:GDP/GTP и eIF2B. 3'-концевые усилители инициации трансляции у эукариот; роль полиаденилового «хвоста» мРНК; циркуляризация эукариотических полирибосом. Инициация с помощью аминокислотированного тРНК-подобного «хвоста» (РНК желтой мозаики турнепса). «Внутренняя» инициация без факторов инициации (РНК вируса паралича сверчка).

Тема 9. Регуляция трансляции.

Регуляция трансляции у прокариот. Трансляционная репрессия. Регуляция синтеза рибосомных белков. Ауторегуляция синтеза треонил-тРНК-синтетазы. Регуляция трансляции РНК бактериофага MS-2. Трансляционная регуляция антисмысловыми РНК.

Регуляция трансляции у эукариот. Особая роль регуляции на уровне трансляции у эукариот. Тотальная регуляция трансляции путем фосфорилирования фактора инициации eIF2 (гем-регулируемая фосфокиназа, дсРНК-регулируемая фосфокиназа). Механизм тотального подавления трансляции при фосфорилировании eIF2. Регуляция инициации короткими рамками считывания, предшествующими основной кодирующей последовательности мРНК. Трансляционная репрессия индивидуальных мРНК. Трансляционная регуляция синтеза ферритина. Регуляция трансляции с помощью микроРНК: деградационный механизм через комплементарное связывание с кодирующей областью мРНК («РНК-интерференция»); механизм подавления трансляции через воздействие на 3'-нетранслируемую область.

Маскирование–демаскирование мРНК в процессах оогенеза, сперматогенеза и клеточной дифференцировки. Маскирование мРНК, ее особенности. Маскированные рибонуклеопротеидные частицы (информосомы). Основные белки информосом и их роль в переходах из маскированного состояния в активное и обратно. Роль специальных последовательностей («маскирующих элементов») 3'-нетранслируемой области и их узнающего белка («маскирующего» белка). Маскирование мРНК в оогенезе *Spisula solidissima* и ее демаскирование после оплодотворения. Маскирование *fem-3* мРНК *Caenorhabditis elegans* при переходе из личиночной стадии самца во взрослую стадию самки (смена сперматогенеза на оогенез). Маскирование и демаскирование мРНК липоксигеназы в процессе эритропоэза млекопитающих. Маскирование и демаскирование мРНК антериоральных (*bicoid*, *hunchback*) и постериоральных (*nanos*) детерминант яйца дрозофилы в оогенезе и после оплодотворения: демаскирование *nanos* мРНК путем «заякоривания» в заднем отделе яйца и установление задне-переднего градиента Nos-белка, являющегося маскирующим белком *hunchback* мРНК; детерминация передне-задней оси эмбриона. Наличие сигналов внутриклеточного транспорта и локализации в 3'-нетранслируемой области мРНК. Возможная роль циркуляризации мРНК и конденсации мРНК (информосом) в маскировании.

Регуляция скорости элонгации. Время элонгации полипептидной цепи на рибосоме; экспериментальное определение «транзитного времени». Профиль распределения полирибосом как отражение соотношения скоростей инициации и элонгации. Неравномерность скорости элонгации; трансляционные паузы. Минорные синонимические тРНК и редкие кодоны; паузы на редких («модулирующих») кодонах мРНК. Структурные барьеры вдоль цепи мРНК как возможная причина трансляционных пауз. Ингибиторные аминокислотные последовательности растущих полипептидов.

Тема 10. Терминация трансляции.

Терминирующие кодоны. Белковые факторы терминации прокариот и эукариот; два класса факторов терминации. Узнавание терминирующего кодона фактором терминации 1-го класса в А-участке рибосомы. Индукция гидролиза сложноэфирной связи пептидил-тРНК в пептидил-трансферазном центре. Эвакуация деацилированной тРНК из Р-участка и факторов терминации из А-участка с участием факторов терминации 2-го класса и ГТФ/ГДФ. Фактор освобождения рибосом (RRF, RF4) прокариот.

Альтернативные пути новосинтезированного полипептида. Котрансляционное сворачивание в компактную глобулу. Трансмембранная транслокация растущего пептида. Сигнальный пептид. Сигнал-узнающая частица (SRP), ее нуклеопротеидная природа. Взаимодействие сигнал-узнающей частицы с сигнальным пептидом, остановка трансляции, взаимодействие с сигнальным рецептором мембраны эндоплазматического ретикулума. Формирование транслокационного канала мембраны эндоплазматического ретикулума; котрансляционное прохождение растущего пептида через канал.

7. Фонд оценочных средств для оценивания результатов обучения по дисциплине:

7.1. Перечень оценочных средств

Компетенция	Результат обучения по дисциплине (модулю)	Оценочные средства
<p>ОПК-1. Способен применять знание о разнообразии, развитии и эволюции биологических объектов различных уровней организации для решения профессиональных задач в полевых и лабораторных условиях, в том числе с привлечением современных методов структурной биологии, биоинформатики, математического и молекулярного моделирования; способен понимать значение биоразнообразия для устойчивости биосферы.</p>	<p>Знает: основные классы биологических макромолекул, их функции и пути образования</p> <p>Умеет: анализировать современную научную информацию для адекватного планирования собственных исследований</p> <p>Владеет: навыками критически оценивать методы выделения, очистки и анализа биологических макромолекул и анализировать полученные с их помощью результаты;</p>	<p>Вопросы для текущей и промежуточной аттестации (ответ подразумевается в развернутой форме, без выбора ответа из списка готовых вариантов)</p> <p>Вопросы для оценки навыков и умений</p>
<p>ОПК-2. Способен планировать и проводить биологические эксперименты, наблюдение, описание, идентификацию, классификацию и культивирование биологических объектов, опираясь на знание их структурной и функциональной</p>	<p>Знает: основные экспериментальные способы выделения биологических макромолекул из живых организмов и их анализа</p> <p>Умеет: выделять биологические макромолекулы из живых организмов и анализировать их</p> <p>Владеет: навыками</p>	<p>Вопросы для текущей и промежуточной аттестации (ответ подразумевается в развернутой форме, без выбора ответа из списка готовых вариантов)</p> <p>Вопросы для оценки навыков и умений</p>

<p>организации, механизмов 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>	<p>выбирать методы выделения биологических макромолекул из живых организмов и их анализа, наиболее пригодные для решения конкретных экспериментальных задач</p>	
---	---	--

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

Образцы вопросов промежуточной аттестации

1. Эксперименты, продемонстрировавшие генетическую роль ДНК, Структура молекулы ДНК: комплементарные пары оснований Уотсона и Крика, двойная спираль ДНК (B, A и Z-формы двойной спирали).
2. Двунправленная репликация. Полимеразы I, II и III E.coli. Полимеразы, участвующие в репликации, характеристика их ферментативных активностей.
3. Вилка репликации, "ведущая" и "отстающая" нити при репликации. Фрагменты Оказаки. Сборка мультиферментного комплекса на репликационной вилке.
4. Инициации репликации ДНК у E.coli. Структура участка начала репликации.
5. Методы установления позиций участков начала репликации в геномах низших и высших эукариот. Особенности участков начала репликации ДНК высших эукариот.
6. Репликация концевых участков линейных хромосом. Теломера, теломераза и комплексы белков, регулирующих активность теломеразы
7. Понятие о репликациях. Доказательство одновременной инициации ДНК в нескольких местах эукариотической хромосомы. Размер репликационных вилочков, скорость движения репликационных вилочков.
8. Методы изучения организации индивидуальных областей генома в репликационных единицах. Пространственная организация репликационных единиц (фокусы репликации).
9. Ранние и поздние репликационные единицы. Методы определения времени репликации индивидуальных генов по ходу S-фазы.
10. Молекулярные механизмы, координирующие клеточный цикл и репликацию ДНК. Понятие о "сверточных точках" (checkpoints). Циклины и протеинкиназы.
11. Прямая репарация тиминовых димеров и метилированного гуанина. Вырезание оснований. Гликозилазы.
12. Вырезание (эксцизия) поврежденных нуклеотидов. Ферменты, осуществляющие эксцизионную репарацию у прокариот и эукариот.
13. Механизм репарации, направленный на исправление активно транскрибируемых генов. Механизм репарации неспаренных нуклеотидов (mismatch репарация). Выбор репарируемой нити ДНК.
14. SOS-репарация. Свойства ДНК полимераз, участвующих в SOS-репарации у прокариот и эукариот.

15. Репарация двухнитевых разрывов: гомологичная пострепликативная рекомбинация и соединение негомологичных концов молекулы ДНК.
16. Двухнитевые разрывы ДНК, инициирующие рекомбинацию. Структура Холлидея в модели рекомбинации. Миграция ветви, гетеродуплексы, "разрешение" структуры Холлидея.
17. Энзимология рекомбинации у *E.coli*. RecBCD комплекс. Катализируемая RecA белком. инвазия "активного" 3'-конца однонитевой ДНК в двойную спираль.
18. Рекомбинация у эукариот. Ферменты рекомбинации у эукариот. Ортологи RecA белка. Генная конверсия. Лocus спаривания у дрожжей, переключение типов спаривания.
19. Сайт-специфическая рекомбинация ДНК. Различия молекулярных механизмов общей и сайт-специфичной рекомбинации.
20. Геномное редактирование с использованием ферментов сайт-специфической рекомбинации.
21. Определение размеров генома с использованием анализа кинетики ренатурации.
22. Уникальные и повторяющиеся последовательности. Основные классы повторяющихся последовательностей в геномах позвоночных животных.
23. Современные подходы к секвенированию ДНК.
24. IS-последовательности бактерий, их структура.
25. Представление о горизонтальном переносе транспозонов и их роли в структурных перестройках (эктопическая рекомбинация) и в эволюции генома.
26. Классификация ретроэлементов.
27. SINE элементы в геномах позвоночных животных.
28. РНК полимеразы *E.Coli*: минимальный фермент и холофермент. Промоторы и роль сигма-фактора в узнавании промоторов.
29. Терминация транскрипции у прокариот. Регуляция транскрипции прокариотических генов.
30. Катаболические и анаболические опероны. Лактозный оперон. Репрессор и индуктор, модель Жакоба и Моно. CAP белок и позитивная регуляция транскрипции.
31. Регуляция работы анаболических оперонов. "Рибопереключатели".
32. Эукариотические РНК-полимеразы. Промоторы РНК полимеразы II. Сборка преинициаторного комплекса РНК полимеразы II. Общие транскрипционные факторы, необходимые для посадки РНК полимеразы II на промоторы.
33. Энхансеры и сайленсеры. Механизм действия энхансеров.
34. Тканеспецифические транскрипционные факторы.
35. Структура нуклеосомы. Основные и варианты формы гистонов. Модификации гистонов и гистоновый код.
36. Активный хроматин. Роль ацетилирования гистонов в активации хроматина. Доменная гипотеза организации эукариотического генома в хроматине.
37. Неактивные хроматиновые домены. Механизм формирования конститутивного гетерохроматина. Роль CpG метилирования ДНК в инактивации генов.
38. Комплексы ремоделирования хроматина. Транскрипция «через» нуклеосомы.
39. Репликация хроматина.
40. Пространственная организация эукариотического генома и методы ее изучения (фиксация конформации хромосомы и полногеномные варианты этой процедуры – 4C, Hi-C).
41. Ядрышко и другие ядерные компартменты. Транскрипционные и репликационные фабрики. Позиционирование интерфазных хромосом в клеточном ядре (хромосомные территории).

42. Пространственная организация эукариотического генома. Архитектурная роль РНК (платформа для сборки некоторых ядерных компартментов).
43. Изучение динамики ядерных компартментов с использованием флуоресцентных белков.
44. Сплайсинг, типы интронов и механизм вырезания интронов. Механизмы сплайсинга. Роль малых ядерных РНК и белковых факторов. Сплайсосома.
45. Альтернативный сплайсинг. Энхансеры сплайсинга. Биологическая роль альтернативного сплайсинга.
46. «Кэппирование» и полиаденилирование РНК. Редактирование РНК.
47. Генетические и негенетические функции РНК.
48. Древний мир РНК и происхождение жизни.
49. Возникновение биосинтеза белка на базе мира РНК. Происхождение ДНК из РНК и закрепление универсального генетического кода. Происхождение трех основных ветвей живых существ из мира РНК.
50. Основные принципы структуры РНК. Первичная структура. Модифицированные основания. Одноцепочечность.
51. Вторичная структура РНК: формирование коротких двойных спиралей за счет взаимодействия смежных участков внутри цепи.
52. Третичная структура РНК: компактное сворачивание полирибонуклеотидной цепи, дальние комплементарные взаимодействия, спираль-спиральные взаимодействия, формирование крупных доменов.
53. Структурные особенности основных видов РНК и РНП. Структура тРНК.
54. Структура рибосомных РНК.
55. Структура рибосом. Локализация рибосом в клетке. Прокариотический и эукариотический типы рибосом; 70S и 80S рибосомы. Морфология рибосом. Подразделение на субчастицы (субъединицы); диссоциация.
56. Рибосомные белки: разнообразие, разделение, номенклатура, особенности структуры. Разборка («раздевание») субчастиц; кооперативный характер диссоциации белков. Самосборка, ее последовательные этапы, независимое формирование РНП-доменов. Разворачивание субчастиц; ступенчатый характер разворачивания.
57. Идентификация рибосомных белков на поверхности рибосомы методом иммунной электронной микроскопии.
58. Рентгеноструктурный анализ рибосомных субчастиц и полных 70S рибосом. Информационная (кодирующая) РНК, или мРНК. История расшифровки генетического кода. Основные свойства кода: триплетность, код без запятых, вырожденность. Особенности кодового словаря, семьи кодонов, смысловые и «бесмысленные» кодоны.
59. Активация аминокислот. Химические реакции, приводящие к образованию пептидной связи в процессе биосинтеза белка. Активация аминокислоты в реакции с АТФ; образование аминоациладенилата. Перенос аминоацильного остатка на тРНК.
60. Аминоацил-тРНК-синтетазы. Активные центры синтетаз и их специфичность. Принцип «реактивности половины центров» при функционировании синтетаз. Два класса аминоацил-тРНК-синтетаз, их структурные и функциональные различия. Участки взаимодействия молекул тРНК с аминоацил-тРНК-синтетазами; различия двух классов.
61. Эпицикл трансляции и рабочий элонгационный цикл. Полирибосома. Сопряженная транскрипция-трансляция у прокариот.
62. Рабочий элонгационный цикл рибосомы; три основных этапа цикла. Парциальные функции рибосомы в ходе трансляции. Локализация функциональных центров рибосомы. А, Р и Е участки связывания тРНК. Полярность считывания матрицы (мРНК) в ходе трансляции.

63. Кодон-зависимое связывание аминоксил-тРНК в элонгационном цикле. Адапторная гипотеза Ф. Крика (1955) и ее экспериментальное доказательство (1962 – 1963). Кодон-антикодоновое взаимодействие. Гипотеза Ф. Крика о неоднозначном взаимодействии первого положения антикодона с третьим положением кодона (1966).
64. Участие фактора элонгации EF1 (EF-Tu) в связывании аминоксил-тРНК с рибосомой. Структура EF1 (EF-Tu), его взаимодействия с ГТФ и ГДФ и его структурные переходы («закрытая» и «открытая» конформации).
65. Связывание аминоксил-тРНК комплексом EF1 (EF-Tu) с ГТФ, образование тройственного комплекса. EF1 (EF-Tu) как катализатор этапа связывания аминоксил-тРНК.
66. Нерасщепляемые и медленно расщепляемые аналоги ГТФ; их эффект на этап связывания аминоксил-тРНК с рибосомой. Роль гидролиза ГТФ в процессе связывания.
67. Фактор элонгации EF1B (EF-Ts), его функция, последовательность реакций с его участием.
68. Антибиотики, воздействующие на этап кодон-зависимого связывания аминоксил-тРНК с рибосомой. Аминогликозиды антибиотики (стрептомицин, неомицин, канамицин, гентамицин и др.), механизм их действия. Тетрациклины как ингибиторы связывания аминоксил-тРНК с рибосомой. Механизмы устойчивости к тетрациклинам.
69. Ложное кодирование и сдвиги рамки считывания на этапе кодон-зависимого связывания аминоксил-тРНК с рибосомой. Основные закономерности ложного кодирования. Кинетические основы ложного кодирования.
70. Сдвиг рамки считывания: +1 и –1 сдвиги. Последствия сдвига. Сдвиг рамки при синтезе антизима орнитин-декарбоксилазы.
71. Особенности кодирования и включения селеноцистеина в полипептидную цепь белка в процессе элонгации.
72. Транспептидация. Химия реакции. Пептидил-трансферазный центр большой рибосомной субчастицы; рибозимный катализ.
73. Ингибиторы транспептидации: хлорамфеникол, линкомицин, амицетин, стрептограмин, анизомидин. Механизм действия пурамицина.
74. Транслокация. Определение транслокации, физические события транслокации, экспериментальные тесты. Участие фактора элонгации EF2 (EF-G) с ГТФ.
75. «Энзиматическая» и «неэнзиматическая» (бесфакторная) транслокация.
76. Ингибиторы транслокации: фусидовая кислота, виомицин, их механизмы действия.
77. Ошибки транслокации. «Непотриплетная» транслокация: проскальзывание по гомополимерному участку мРНК, соскальзывание на смежный триплет, «прыжок» через несколько нуклеотидов мРНК. Транслокационный сдвиг рамки.
78. Функциональное значение инициации трансляции. Участники процесса инициации. Основные этапы процесса инициации.
79. Инициация трансляции у прокариот: факторы инициации, инициаторные кодоны, 3'-конец РНК малой рибосомной субчастицы и последовательность Шайна-Дальгарно в мРНК.
80. Инициация трансляции у эукариот: факторы инициации, инициаторные кодоны, 5'-нетранслируемая область и кэп-зависимая «концевая» инициация. Сканирование 5'-нетранслируемой области.
81. «Внутренняя» кэп-независимая инициация у эукариот.
82. Последовательность событий эукариотической инициации; 43S и 48S инициаторные комплексы рибосомы. Цикл инициаторных факторов eIF2:GDP/GTP и eIF2B.
83. Регуляция трансляции у прокариот. Трансляционная репрессия.

84. Регуляция синтеза рибосомных белков.
85. Ауторегуляция синтеза треонил-тРНК-синтетазы.
86. Регуляция трансляции РНК бактериофага MS-2.
87. Трансляционная регуляция антисмысловыми РНК.
88. Регуляция трансляции у эукариот. Особая роль регуляции на уровне трансляции у эукариот.
89. Тотальная регуляция трансляции путем фосфорилирования фактора инициации eIF2 (гем-регулируемая фосфокиназа, дсРНК-регулируемая фосфокиназа).
90. Механизм тотального подавления трансляции при фосфорилировании eIF2.
91. Регуляция инициации короткими рамками считывания, предшествующими основной кодирующей последовательности мРНК.
92. Трансляционная репрессия индивидуальных мРНК.
93. Трансляционная регуляция синтеза ферритина.
94. Регуляция трансляции с помощью микроРНК: деградиционный механизм через комплементарное связывание с кодирующей областью мРНК («РНК-интерференция»); механизм подавления трансляции через воздействие на 3'-нетранслируемую область.
95. Маскирование–демаскирование мРНК в процессах оогенеза, сперматогенеза и клеточной дифференцировки.
96. Регуляция скорости элонгации. Время элонгации полипептидной цепи на рибосоме; экспериментальное определение «транзитного времени».
97. Терминирующие кодоны. Белковые факторы терминации прокариот и эукариот; два класса факторов терминации.
98. Эвакуация деацелированной тРНК из Р-участка и факторов терминации из А-участка с участием факторов терминации 2-го класса и ГТФ/ГДФ. Фактор освобождения рибосом (RRF, RF4) прокариот.
99. Альтернативные пути новосинтезированного полипептида. Котрансляционное сворачивание в компактную глобулу.
100. Трансмембранная транслокация растущего пептида. Сигнальный пептид. Сигнал-узнающая частица (SRP), ее нуклеопротеидная природа.

Образцы вопросов для оценки навыков и умений

1. Перечислите известные вам интернет-ресурсы для поиска актуальной научной литературы по молекулярной биологии.
2. Предложите метод выделения малых РНК из клетки, не подразумевающий совыделения ДНК, основанный на разнице в физико-химических свойствах РНК и ДНК.
3. Приведите примеры растворителей, в которых нерастворимы нуклеиновые кислоты. Предложите экспериментальный способ осаждения нуклеиновых кислот из водного раствора.
4. Каким образом можно выделить из живого организма белок в нативном (неденатурированном) виде?
5. Какими методами можно оценить количество нуклеиновой кислоты и ее молекулярную массу *in vitro*?
6. Какими методами можно оценить количество белка и его молекулярную массу *in vitro*?
7. Расположите три формы одной и той же молекулы ДНК – суперскрученная, релаксированная, линейная – в порядке возрастания электрофоретической подвижности.
8. Из каких компонентов должна состоять система транскрипции *in vitro*?
9. Какие метчики можно включить в состав синтезируемой *in vitro* нуклеиновой кислоты? Как это сделать технически?

10. Какие метчики можно включить в состав синтезируемого *in vitro* белка Как это сделать технически?
11. Предложите способы детекции фрагмента нуклеиновой кислоты известного нуклеотидного состава в живой клетке.
12. Предложите способы детекции белка известного аминокислотного состава в живой клетке.
13. Предложите способы выделения ассоциированных рибосом из живой клетки.
14. Какими способами можно внести направленные изменения в нуклеотидный состав ДНК *in vitro*?
15. Какими способами можно внести направленные изменения в нуклеотидный состав ДНК в живой клетке?
16. Какую технологию геномного редактирования вы выберете для осуществления генной дизрупции?
17. Какими методами можно убедиться в успешном прохождении генной дизрупции в живой клетке?
18. Опишите возможные проблемы гетерологической экспрессии эукариотического гена в прокариотическом организме и практические пути их преодоления.
19. Опишите возможные проблемы гетерологической экспрессии прокариотического гена в эукариотическом организме и практические пути их преодоления.
20. Используются ли методы секвенирования следующего поколения для определения нуклеотидного состава продуктов стандартного молекулярного клонирования? Обоснуйте ответ.

7.3. Описание критериев и шкал оценивания

Описание критериев оценивания выполнения задания

Показатель	Баллы
Студент выполняет менее 50% задания	0-20
Задание студент выполняет все или большей частью, есть отдельные неточности, способен при направляющих вопросах исправить допущенные неточности	21-32
Задание выполнено студентом правильно, самостоятельно в полном объеме	33-40

Шкала оценивания сформированности компетенций

Уровень сформированности компетенции	Баллы	Оценка в 5-ти балльной шкале
Недостаточный	Менее 20	неудовлетворительно
Базовый	20-26	удовлетворительно
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)

Оценка	2	3	4	5
Рез-т обучения	(не зачтено)	(зачтено)	(зачтено)	(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 основной и дополнительной учебной литературы

Основная литература:

1. Б. Альбертс, Д. Брей, Дж. Льюис. Молекулярная биология клетки. М., Мир.
2. Спирин А.С. Структура рибосомы и биосинтез белка. М., Academia

Дополнительная литература:

1. Разин С.В., Быстрицкий А.А. Хроматин: упакованный геном. М., Бином
2. Дж. Уилсон, Т. Хант. Молекулярная биология клетки. Сборник задач. М., Мир.

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

8.3. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

1. Журналы и библиографические базы данных, доступные через Интернет <http://www.elibrary.ru>
2. Журналы и библиографические базы данных, доступные через Интернет <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>

8.4. Описание материально-технического обеспечения.

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

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

9. Язык преподавания

Русский.

10. Преподаватели

Разин Сергей Владимирович – доктор биологических наук, профессор, чл.-корр. РАН, зав. кафедрой молекулярной биологии биологического факультета МГУ

Асеев Виктор Васильевич – кандидат биологических наук, доцент кафедры молекулярной биологии биологического факультета МГУ

11. Авторы программы

Разин Сергей Владимирович – доктор биологических наук, профессор, чл.-корр. РАН, зав. кафедрой молекулярной биологии биологического факультета МГУ

Асеев Виктор Васильевич – кандидат биологических наук, доцент кафедры молекулярной биологии биологического факультета МГУ.