

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

**Федеральное государственное автономное
образовательное учреждение высшего образования
«Национальный исследовательский Нижегородский государственный университет
им. Н.И. Лобачевского»**

Институт биологии и биомедицины
(факультет / институт / филиал)

УТВЕРЖДЕНО
решением ученого совета ННГУ
протокол от
«16» июня 2021 г. № 8

Рабочая программа дисциплины

Современные методы генетики

(наименование дисциплины (модуля))

Уровень высшего образования

Бакалавриат

(бакалавриат / магистратура / специалитет)

Направление подготовки / специальность

06.03.01 Биология

(указывается код и наименование направления подготовки / специальности)

Направленность образовательной программы

Биология (общий профиль)

(указывается профиль / магистерская программа / специализация)

Форма обучения

Очная

(очная / очно-заочная / заочная)

Нижегород

2022 год

1. Место дисциплины в структуре ООП

№ варианта	Место дисциплины в учебном плане образовательной программы	Стандартный текст для автоматического заполнения в конструкторе РПД
1	Блок 1. Дисциплины (модули), Часть, формируемая участниками образовательных отношений	Дисциплина <i>Б1.В.ДВ.03.08, Современные методы генетики</i> относится к части ООП направления подготовки 06.03.01 Биология , формируемой участниками образовательных отношений.

2. Планируемые результаты обучения по дисциплине, соотнесенные с планируемыми результатами освоения образовательной программы (компетенциями и индикаторами достижения компетенций)

Формируемые компетенции (код, содержание компетенции)	Планируемые результаты обучения по дисциплине (модулю), в соответствии с индикатором достижения компетенции		Наименование оценочного средства
	Индикатор достижения компетенции* (код, содержание индикатора)	Результаты обучения по дисциплине**	
ПК-1 Способен осуществлять информационный поиск по выбранной научной тематике в области биологии, излагать и критически анализировать получаемую информацию, представлять результаты исследований в виде презентаций, науднотехннческих отчетов, обзоров, аналитических карт, пояснительных записок, публикаций в научных изданиях; поддерживать дискуссию по актуальным вопросам биологии и экологии	ПК-1.1. Знает: - правила сбора и анализа информации по теме исследования, способы и правила представления результатов в письменной и устной формах;	Знает: правила сбора и анализа информации по современным методам в генетике	<i>собеседование контрольные работы, практические задачи</i>
	ПК-1.2. Умеет: - планировать и осуществлять поиск научной информации, оформлять результаты исследования для представления в письменной и устной формах;	Умеет: планировать и осуществлять поиск научной информации, оформлять результаты по современным методам в генетике	
	ПК-1.3. Владеет: - опытом поиска, анализа, представления и обсуждения результатов исследования.	Владеет: опытом поиска, анализа, представления и обсуждения результатов по изучению современных методов в генетике	

3. Структура и содержание дисциплины

3.1 Трудоемкость дисциплины

	очная форма обучения
Общая трудоемкость	2 ЗЕТ
Часов по учебному плану	72
в том числе	
аудиторные занятия (контактная работа):	
- занятия лекционного типа	26
- практические занятия	26
- лабораторные работы	
самостоятельная работа	19
КСР	
Промежуточная аттестация – экзамен/зачет	Зачет

3.2. Содержание дисциплины

Наименование и краткое содержание разделов и тем дисциплины (модуля), форма промежуточной аттестации по дисциплине (модулю)	Всего (часы)	В том числе				Самостоятельная работа обучающегося, часы
		Контактная работа (работа во взаимодействии с преподавателем), часы из них				
		Занятия лекционного типа	Занятия семинарского типа	Занятия лабораторного типа	Всего	
Тема 1. Методы выделения и очистки ДНК плазмид. Методы выделения и очистки эукариотической ДНК, РНК, мРНК. Оценка качества и количества выделенных нуклеиновых кислот. Электрофорез нуклеиновых кислот.	6	2	2		4	2
Тема 2. Методы исследования генома. Полимеразная цепная реакция. Использование полимеразной цепной реакции для эпигенетических исследований. ПЦР в режиме реального времени.	7	2	2		4	3
Тема 3. Изменчивость и мобильность генома. Методы выявления геномного полиморфизма, использование генетических маркеров для оценки генетического разнообразия.	15	6	6		12	3
Тема 4. Методы исследования транскриптома. Гибридизационные методы для исследования	22	8	10		18	4

транскриптома: Northernblot, микрочиповые технологии, защита от РНКаз, флуоресцентная гибридизация in situ (FISH).						
Тема 5. ДНК-диагностика наследственных заболеваний. Генетическое сцепление и картирование генов. Программа «Геном человека»	10	4	2		6	4
Тема 6. Базы нуклеотидных последовательностей. Статистические программы для анализа генетических характеристик популяций.	11	4	4		8	3
Всего		26	26		52	19

Практические занятия (семинарские занятия) организуются, в том числе в форме практической подготовки, которая предусматривает участие обучающихся в выполнении отдельных элементов работ, связанных с будущей профессиональной деятельностью.

На проведение практических занятий (семинарских занятий) в форме практической подготовки отводится 26 часов.

Практическая подготовка направлена на формирование и развитие:

- практических навыков в соответствии с перечнем задач профессиональной деятельности ООП: участие в планировании, проведении и представлении результатов фундаментальных и практических научных исследований по актуальным проблемам в соответствующей области знания.

- компетенции:

ПК-1 – способен осуществлять информационный поиск по выбранной научной тематике в области биологии, излагать и критически анализировать получаемую информацию, представлять результаты исследований в виде презентаций, научно-технических отчетов, обзоров, аналитических карт, пояснительных записок, публикаций в научных изданиях; поддерживать дискуссию по актуальным вопросам биологии и экологии

Текущий контроль успеваемости проходит в рамках занятий семинарского типа и индивидуальных консультаций. Промежуточный контроль осуществляется на зачете.

4. Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы обучающихся

Виды самостоятельной работы студентов в рамках освоения дисциплины:

- изучение понятийного аппарата и проработка тем дисциплины;
- работа с основной и дополнительной литературой дома и в библиотеке;
- изучение сайтов по темам дисциплины в сети Интернет
- подготовка к устному опросу на семинарских занятиях;
- подготовка к тестам;
- подготовка к зачету.

Контрольные вопросы и задания для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по итогам освоения дисциплины приведены в п. 5.2.

Для обеспечения самостоятельной работы обучающихся используется электронный курс Современные методы генетики (<https://e-learning.unn.ru/course/view.php?id=3118>), созданный в системе электронного обучения ННГУ - <https://e-learning.unn.ru/>.

5. Фонд оценочных средств для промежуточной аттестации по дисциплине (модулю), включающий:

5.1. Описание шкал оценивания результатов обучения по дисциплине

Уровень сформированности компетенций (индикатора достижения компетенций)	Шкала оценивания сформированности компетенций						
	плохо	неудовлетворительно	удовлетворительно	хорошо	очень хорошо	отлично	превосходно
	не зачтено		зачтено				
<u>Знания</u>	Отсутствие знаний теоретического материала. Невозможность оценить полноту знаний вследствие отказа обучающегося от ответа	Уровень знаний ниже минимальных требований. Имели место грубые ошибки.	Минимально допустимый уровень знаний. Допущено много негрубых ошибок.	Уровень знаний в объеме, соответствующем программе подготовки. Допущено несколько негрубых ошибок	Уровень знаний в объеме, соответствующем программе подготовки. Допущено несколько несущественных ошибок	Уровень знаний в объеме, соответствующем программе подготовки, без ошибок.	Уровень знаний в объеме, превышающем программу подготовки.
<u>Умения</u>	Отсутствие минимальных умений . Невозможность оценить наличие умений вследствие отказа обучающегося от ответа	При решении стандартных задач не продемонстрированы основные умения. Имели место грубые ошибки.	Продemonстрированы основные умения. Решены типовые задачи с негрубыми ошибками. Выполнены все задания но не в полном объеме.	Продemonстрированы все основные умения. Решены все основные задачи с негрубыми ошибками. Выполнены все задания, в полном объеме, но некоторые с недочетами.	Продemonстрированы все основные умения. Решены все основные задачи . Выполнены все задания, в полном объеме, но некоторые с недочетами.	Продemonстрированы все основные умения, решены все основные задачи с отдельными несущественным недочетами, выполнены все задания в полном объеме.	Продemonстрированы все основные умения,. Решены все основные задачи. Выполнены все задания, в полном объеме без недочетов
<u>Навыки</u>	Отсутствие владения материалом. Невозможность оценить наличие навыков вследствие отказа обучающегося от ответа	При решении стандартных задач не продемонстрированы базовые навыки. Имели место грубые ошибки.	Имеется минимальный набор навыков для решения стандартных задач с некоторыми недочетами	Продemonстрированы базовые навыки при решении стандартных задач с некоторыми недочетами	Продemonстрированы базовые навыки при решении стандартных задач без ошибок и недочетов.	Продemonстрированы навыки при решении нестандартных задач без ошибок и недочетов.	Продemonстрирован творческий подход к решению нестандартных задач

Шкала оценки при промежуточной аттестации

Оценка		Уровень подготовки
	превосходно	Все компетенции (части компетенций), на формирование которых направлена дисциплина, сформированы на уровне не ниже «превосходно», продемонстрированы знания, умения, владения по соответствующим компетенциям на уровне, выше предусмотренного программой
зачтено	отлично	Все компетенции (части компетенций), на формирование которых направлена дисциплина, сформированы на уровне не ниже «отлично», при этом хотя бы одна компетенция сформирована на уровне «отлично»
	очень хорошо	Все компетенции (части компетенций), на формирование которых направлена дисциплина, сформированы на уровне не ниже «очень хорошо», при этом хотя бы одна компетенция сформирована на уровне «очень хорошо»
	хорошо	Все компетенции (части компетенций), на формирование которых направлена дисциплина, сформированы на уровне не ниже «хорошо», при этом хотя бы одна компетенция сформирована на уровне «хорошо»
	удовлетворительно	Все компетенции (части компетенций), на формирование которых направлена дисциплина, сформированы на уровне не ниже «удовлетворительно», при этом хотя бы одна компетенция сформирована на уровне «удовлетворительно»
не зачтено	неудовлетворительно	Хотя бы одна компетенция сформирована на уровне «неудовлетворительно», ни одна из компетенций не сформирована на уровне «плохо»
	плохо	Хотя бы одна компетенция сформирована на уровне «плохо»

5.2. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценки результатов обучения.

5.2.1 Контрольные вопросы

Организация генома, информационные молекулы генома (ДНК, РНК). Структура хроматина. Хромосомы. Гены эукариот: мозаичное строение. Повторяющиеся последовательности. Изохоры, метилирование, гиперчувствительные сайты. Репликация ДНК. Ферменты, участвующие в репликации ДНК. Репликативное метилирование ДНК. Транскрипция. Структура эукариотического промотора. Типы РНК- полимераз у эукариот и синтезируемые ими РНК. Факторы транскрипции. Медиаторный комплекс транскрипции. Энхансеры и сайленсеры. ДНКсвязывающие белки, участвующие в регуляции транскрипции: белки, содержащие гомеодомены, лейциновую «застежку», «цинковые пальцы». Особенности организации генов у прокариот и эукариот. Механизмы регуляции экспрессии генов. Некодирующие РНК: открытие, основные виды (рибосомные РНК, тРНК). Малые некодирующие РНК. Репарация ДНК.	ПК-1
Методы исследования генома. Полимеразная цепная реакция. Использование полимеразной цепной реакции для эпигенетических исследований (Метилспецифическая ПЦР, Метилспецифическая ПЦР со статистическими GC-богатыми праймерами,	ПК-1

метилспецифическая ПЦР 8 5 со специфическими праймерами). ПЦР в режиме реального времени. Секвенирование ДНК. Секвенирование по Сэнгеру. Пиросеквенирование. NGS секвенирование.	
Методы исследования транскриптома. Обратная транскрипция. Фермент ревертаза. Синтез комплементарной цепи. Создание библиотек кДНК. Нормализация библиотек кДНК. ОТ-ПЦР. ПЦР в режиме реального времени. Метод дифференциального дисплея. Метод SAGE. Метод EST. Гибридизационные методы для исследования транскриптома: Northernblot, микрочиповые технологии, защита от РНКаз, флуоресцентная гибридизация in situ (FISH). NGS секвенирование для анализа транскриптома.	<i>ПК-1</i>
Изменчивость и мобильность генома. Полиморфные сайты рестрикции. Микросателлитные и минисателлитные повторы. Alu повторы в геноме. Ретротранспозоны. Однонуклеотидные замены. Методы выявления геномного полиморфизма, использование генетических маркеров для оценки генетического разнообразия (ПЦР-ПДРФ-анализ, микросателлитный анализ, аллель-специфическая ПЦР, полиморфизм конформации одноцепочечной ДНК, дискриминация аллелей по кривым плавления (HMR)).	<i>ПК-1</i>
Базы нуклеотидных последовательностей. Статистические программы для анализа генетических характеристик популяций.	<i>ПК-1</i>
Методы выделения и очистки ДНК плазмид. Методы выделения и очистки эукариотической ДНК. Методы выделения и очистки РНК, мРНК. Оценка качества и количества выделенных нуклеиновых кислот. Электрофорез нуклеиновых кислот.	<i>ПК-1</i>
Ферменты, применяемые в молекулярно-генетическом исследовании. Рестриктазы: I, II и III типов. Изоизомеры. Изменение субстратной специфичности рестриктаз в неоптимальных условиях. Построение рестрикционных карт. ДНК-метиلاзы, их использование для получения крупных рестрикционных фрагментов ДНК. ДНК-лигазы. Механизм лигирования ДНК Т4-ДНК-лигазой. ДНК-зависимая ДНК-полимераза I E.coli и ее фрагмент Кленова. Их использование для введения концевой радиоактивной метки, «затупления» концов ДНК и ник-трансляции. Термостабильные ДНКзависимые ДНК-полимеразы. РНК-зависимые ДНК-полимеразы (обратные транскриптазы), их использование для получения кДНК. Обратная транскрипция.	<i>ПК-1</i>
ПЦР-ПДРФ-анализ, микросателлитный анализ, аллель-специфическая ПЦР, полиморфизм конформации одноцепочечной ДНК, дискриминация аллелей по кривым плавления (HMR).	<i>ПК-1</i>
Секвенирование ДНК. Секвенирование по Сэнгеру.	<i>ПК-1</i>
Ознакомление с программами для дизайна праймеров и зондов для ПЦР (Primer Premier 5.0 и Beacon Designer 3.2). Конструирование праймеров и зондов.	<i>ПК-1</i>
ДНК-диагностика наследственных заболеваний. Генетическое сцепление и картирование генов. Программа «Геном человека»	<i>ПК-1</i>

5.2.2. Типовые практические задания для оценки сформированности компетенции ПК-1

5.2.3. Типовые вопросы для собеседования для оценки сформированности компетенции ПК-1

1. Общий обзор механизмов, обеспечивающих дифференциальную экспрессию генов.
2. Консервативность эпигенетических механизмов у эукариот
3. Структура нуклеосомы. Структура коровых гистонов. Взаимодействие ДНК – нуклеосома.

4. Методы изучения распределение белков в хроматине? Иммунопреципитация хроматина, DAM-ID
5. метод репортерного гена и его использование в биологических исследованиях. Методы визуализации фрагментов ДНК. Деметилирование ДНК
6. структурно-функциональная организация и полиморфизм митохондриальной ДНК животных.
7. структурно-функциональная организация и полиморфизм рибосомной ДНК животных.

5.2.4. Типовые задания для контрольных работ для оценки сформированности компетенции ПК-1

1. История возникновения и развития молекулярной биологии.
2. Молекулярные основы генетической рекомбинации и её виды.
3. Значение мобильных элементов в эволюции.
4. Транскрипция у эукариот.
5. Структура рибосом. Трансляция.
6. ДНК: кодирующие и некодирующие участки. Сателлитная ДНК.
7. Регуляторные области генов.
8. Интрон-экзонная организация генов эукариот. Сплайсинг.
9. Основы генетической изменчивости. Хромосомные и генные мутации.
10. Эпигенетическая изменчивость. Молекулярные основы эпигенетической изменчивости.
11. Генетическая инженерия.
12. Генная терапия.

Темы практических работ для оценки ПК-1

1. Методы выделения и очистки нуклеиновых кислот. Методы выделения и очистки ДНК плазмид. Методы выделения и очистки эукариотической ДНК. Методы выделения и очистки РНК, мРНК. Оценка качества и количества выделенных нуклеиновых кислот. Электрофорез нуклеиновых кислот.

2. Ферменты, применяемые в молекулярно-генетическом исследовании. Рестриктазы: I, II и III типов. Изоизомеры. Изменение субстратной специфичности рестриктаз в неоптимальных условиях. Построение рестрикционных карт. ДНК-метиلاзы, их использование для получения крупных рестрикционных фрагментов ДНК. ДНК-лигазы. Механизм лигирования ДНК Т4-ДНК-лигазой. ДНК-зависимая ДНК-полимераза I E.coli и ее фрагмент Кленова. Их использование для введения концевой радиоактивной метки, «затупления» концов ДНК и ник-трансляции. Термостабильные ДНК-зависимые ДНК-полимеразы. РНК-зависимые ДНК-полимеразы (обратные транскриптазы), их использование для получения кДНК.

3. Методы исследования генома. Полимеразная цепная реакция.

4. Создание библиотек ДНК.

5. Методы оценки однонуклеотидных замен ДНК. Полиморфизм конформации одноцепочечной ДНК. 16. Аллель-специфическая ПЦР. Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ). Дискриминация аллелей по кривым плавления (HMR).

6. Секвенирование. Новые технологии секвенирования. QTL-анализ.

7. Методы исследования транскриптома. ОТ-ПЦР. Создание библиотек кДНК. Нормализация библиотек кДНК. ПЦР в режиме реального времени. Метод дифференциального дисплея. Метод SAGE. Метод EST.

8. Гибридизационные методы для исследования транскриптома: Northern blot, микрочиповые технологии, защита от РНКаз, флуоресцентная гибридизация in situ (FISH).

9. Использование молекулярно-генетических методов в популяционных исследованиях. Характеристика ДНК маркеров. Микросателлитный анализ. РАПД анализ. AFLP анализ. ПДРФ-анализ.

10. Использование полимеразной цепной реакции для эпигенетических исследований. 28. Метилспецифическая ПЦР.

11. Метилспецифическая ПЦР со статистическими GC-богатыми праймерами. Метилспецифическая ПЦР со специфическими праймерами.

6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины

а) основная литература:

1. Жимулев И. Ф. Общая и молекулярная генетика: учеб. пособие для студентов вузов. - Новосибирск: Изд-во Новосиб. ун-та, 2002. - 459 с. (58 экз. в библиотеке ННГУ)
2. Генетика человека с основами медицинской генетики [Электронный ресурс]: учебник / Рубан Э.Д. - Ростов н/Д: Феникс, 2013. - (Медицина). Доступно на ЭБС «Консультант студент». Режим доступа: <http://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785222210451.html>
3. С. В. Разин, А. А. Быстрицкий. Хроматин: упакованный геном. «Бином. Лаборатория знаний». 2009. С. 172
4. Коряков Д.Е., Жимулев И.Ф. Хромосомы. Структура и функции. Новосибирск: Изд-во СО РАН, 2009 г., 258 с.
5. Эпигенетика. ред. Закиян СМ, Власов ВВ, Дементьева ЕВ. Новосибирск: Изд-во СО РАН, 2012, С. 465-479
6. Darbre Ph.D. Basic molecular biology: essential techniques. John Wiley&Sons. 2001. 194 p.
7. Глик Б., Пастернак Дж. Молекулярная биотехнология. Принципы и применение. Пер. с англ. М., Мир. 2002. 589 с.
8. Инге-Вечтомов. Генетика с основами селекции. СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. 720 с. М.
10. Лебедева М.А., Творогова В.Е., Тиходеев О.Н. Эпигенетические механизмы и их роль в развитии растений // Генетика. 2017. Т. 53, № 10. С. 1115-1131.
12. Люин Б. Гены. М.: Бином. Лаборатория знаний. 2011.
13. Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрук Дж. Методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование: Пер. с англ. М.: Мир, 1984. 480 с.
14. Молекулярная клиническая диагностика. Методы Пер.с англ. / Под ред. С. Херрингтона, Дж. Макгию Мю: Мир, 1999. 558 с.
17. Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений / под ред. Кузнецова В.В., Кузнецова В.В., Романова Г.А. М.: Бином. Лаборатория знаний, 2011. 487 с.
20. Нуклеиновые кислоты от А до Я. Редактор С. Мюллер, М. Бином. 2013.
21. Павлов С.Д., Животовский Л.А. Выявление аллельных вариантов микросателлитных маркеров методами капиллярного и традиционного электрофореза // Генетика. 2016. Т. 52, №4. С. 482-487.
24. Ребриков Д.В. ПЦР в реальном времени. М.: Бином. 2008. 216 с.
25. Сингер, П. Берг Гены и геномы (в 2-х томах) М. Мир. 1998.
26. Спирин А.С.. Молекулярная биология. Структура и биосинтез нуклеиновых кислот. М: Высшая школа, 1990.
28. Спирин А.С.. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка. М: Академика, 2009.
30. Топчиева Л.В., Федоренко О.М. Методические подходы для изучения молекулярных механизмов адаптации // Труды КарНЦ РАН. 2014. №5. С. 30-43.
32. Щуко А.Г., Веселов А.А., Юрьева Е.Н., Волкова Н.В., Шабанов Г.А., Рыбченко А.А., Почтаренко Е.В. Эпигенетика и способы ее реализации // Сибирский научный
- 33.

34. медицинский журнал. 2017. Т. 37, № 4. С. 26-36.

б) дополнительная литература:

- 1) Антонова О.С., Корнева Р.А., Белов Ю.В., Курочкин В.Е. Эффективные методы выделения нуклеиновых кислот для проведения анализов в молекулярной биологии // Научное приборостроение. 2010. Т. 20, №1. С. 3-9.
- 2) Рубцова Г.А., Пономарева Е.В., Афанасьев К.И., Шайхаев Е.Г., Холодова М.В.,
- 3) Столповский Ю.А. Популяционно-генетические основы сохранения генофондов domesticированных видов животных // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2013. Т. 17, № 4/2. С. 900-915.
- 9
- 4) Храмеева Е.А. Дальние взаимодействия в геномах эукариот и регуляция сплайсинга. Диссертация на соиск. уч. степени канд. биол. наук. М. 2014.
- 5) Патрушев Л.И., Коваленко Т.Ф. Функции некодирующих последовательностей генома млекопитающих // Успехи биологической химии. 2014. Т. 54. С. 39-102.
- 6) Разин С.В., Гаврилов А.А., Ульянов С.В. Регуляторные элементы эукариотического генома, контролирующие транскрипцию // Молекулярная биология. 2015. Т. 49, №2. С. 212-223.
- 7) Равин Н.В., Шестаков С.В. Геном прокариот // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2013. Т.17, № 4/2. С. 972-984.
- 8) Дымшиц Г.М., Саблина О.В. «Разорванные» гены и сплайсинг // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2014. Т. 18, № 1. С. 71-80.
- 9) Киселева Н.П., Киселев Ф.Л. Эпигенетическая регуляция экспрессии генов в вирусассоциированных опухолях человека // Успехи молекулярной онкологии. 2014. №1. С. 48-55. <https://elibrary.ru/item.asp?id=22662131>

в) интернет ресурсы:

1. Европейской междисциплинарной сети исследований по эпигенетике ([http:// www.epigenome-noe.net](http://www.epigenome-noe.net));
2. Исследовательский консорциум по проекту «Эпигеном человека» ([http:// www.epigenome.org](http://www.epigenome.org));
3. Энциклопедия элементов ДНК: идентификация функциональных элементов у человека ([http:// www.gen0m.gov/12513456](http://www.gen0m.gov/12513456));
4. Web-сайт, посвященный аспектам биологического метилирования ([http:// www.dnamethsoc.com](http://www.dnamethsoc.com));
5. Информационные ресурсы по геномному импринтингу ([http:// www.geneimprint.com/index.html](http://www.geneimprint.com/index.html));
6. База данных, посвященных некодирующим РНК ([http:// www.bioinfo.org.cn/NONCODE](http://www.bioinfo.org.cn/NONCODE));
7. Браузер по эукариотическим геномам ([http:// www.ensemble.org](http://www.ensemble.org));
8. Портал ресурсов по геному человека ([http:// www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/human/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/human/)).
10. Элементы большой науки [Электронный ресурс]: новости науки. – Режим доступа: <http://elementy.ru/news>.
11. Электронная библиотека Razym.ru [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://razym.ru/naukaobraz/>.
- ЭБС «Консультант студента» [http:// www.studentlibrary.ru /](http://www.studentlibrary.ru/),

ЭБС «ZNANIUM.COM»<http://znanium.com/>,

ЭБС «Юрайт»<https://www.biblio-online.ru/>,

Научная электронная библиотека «E-library.ru» <https://elibrary.ru/defaultx.asp>.

7. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Помещения представляют собой учебные аудитории для проведения учебных занятий, предусмотренных программой, оснащенные оборудованием и техническими средствами обучения.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечены доступом в электронную информационно-образовательную среду.

Программа составлена в соответствии с требованиями ОС ННГУ.

Автор (ы) _____ В.Д.Турубанова

_____ Е.В.Кондакова

_____ М.В.Ведунова

Заведующий кафедрой _____ М.В.Ведунова

Программа одобрена на заседании Методической комиссии Института биологии и биомедицины от 24.02.2021 года, протокол № 4.