

**Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«Московский физико-технический институт
(национальный исследовательский университет)»**

УТВЕРЖДЕНО
Заведующий кафедрой

В.М. Говорун

	Рабочая программа дисциплины (модуля)
по дисциплине:	Молекулярная биология, введение в системную и синтетическую биологию
по направлению:	Прикладные математика и физика
профиль подготовки:	Системная и синтетическая биология Физтех-школа Биологической и Медицинской Физики кафедра системной и синтетической биологии
курс:	4
квалификация:	бакалавр

Семестры, формы промежуточной аттестации:

7 (осенний) - Дифференцированный зачет

8 (весенний) - Дифференцированный зачет

Аудиторных часов: 75 всего, в том числе:

лекции: 45 час.

семинары: 30 час.

лабораторные занятия: 0 час.

Самостоятельная работа: 60 час.

Всего часов: 135, всего зач. ед.: 3

Программу составил: В.М. Говорун, д-р биол. наук, профессор

Программа обсуждена на заседании кафедры системной и синтетической биологии 07.03.2025

Аннотация

Дисциплина направлена на получение студентами целостного представления о молекулярной биологии в контексте основ системной и синтетической биологии для дальнейшего освоения аналитико-экспериментальных методик исследования. Знакомство с современными тенденциями и достижениям с синтетической биологии.

1. Цели и задачи

Цель дисциплины

- получение студентами представления о трансляции фундаментальных знаний в аналитико-экспериментальную научно-исследовательскую и опытно-конструкторскую деятельность.

Задачи дисциплины

- научиться пониманию структуры и системных процессы в живых системах;
- получить базовые знания для освоения экспериментальными методиками в мультиомиксных технологиях;
- научиться извлекать, анализировать и использовать в своих исследовательских целях получаемую информацию.

2. Перечень формируемых компетенций

Освоение дисциплины направлено на формирование следующих компетенций:

Код и наименование компетенции	Индикаторы достижения компетенции
ОПК-1 Способен применять фундаментальные знания, полученные в области физико-математических и (или) естественных наук, и использовать их в профессиональной деятельности	ОПК-1.1 Способен анализировать поставленную задачу, намечать пути ее решения
ОПК-4 Способен осуществлять сбор и обработку научно-технической и (или) технологической информации для решения фундаментальных и прикладных задач	ОПК-4.1 Владеет методами научного поиска и интеллектуального анализа информации при решении задач профессиональной деятельности
	ОПК-4.2 Знает основные источники научно-технической и (или) технологической информации в области профессиональной деятельности
	ОПК-4.4 Владеет навыками работы с компьютером и компьютерными сетями с целью получения, хранения и обработки научной (технической, технологической) информации
ПК-2 Способен анализировать полученные в ходе научно-исследовательской работы данные и делать научные выводы (заключения)	ПК-2.2 Умеет находить ключевые параметры, определяющие изучаемое явление, и производить численные оценки по порядку величины
	ПК-2.3 Способен представлять научные утверждения, их обоснования и доказательства, научные проблемы и их решения ясно и точно в терминах, понятных для профессиональной аудитории, в письменной и устной форме
ПК-4 Способен критически оценивать применимость используемых методик и методов	ПК-4.2 Знает источники происхождения и умеет производить оценку погрешности измерений и достоверности экспериментальных результатов
	ПК-4.3 Способен обосновать причинно-следственные отношения используемых понятий и моделей

3. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю)

В результате освоения дисциплины обучающиеся должны знать:

- принципы устройства организма на молекулярном уровне;
- фундаментальные основы экспериментальных методов в молекулярной биологии;
- основы синтетической биологии.

уметь:

- ставить цели и задачи, понимать поставленные цели и задачи при создании аналитических систем в медико-биологических исследованиях;
- использовать свои знания для решения задач и проведения экспериментальных исследований;
- оценивать корректность постановок задач и строить алгоритмы достижения их оптимального решения в различных (в том числе меняющихся) условиях.

владеть:

- навыками сбора, систематизации и анализа научно-технической и другой профессиональной информации;
- навыками самостоятельной работы в лаборатории.

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

4.1. Разделы дисциплины (модуля) и трудоемкости по видам учебных занятий

№	Тема (раздел) дисциплины	Трудоемкость по видам учебных занятий, включая самостоятельную работу, час.			
		Лекции	Семинары	Лаборат. работы	Самост. работа
1	Синтез и системное изучение прокариотических организмов.	5			2
2	Обзор методов и подходов получения синтетических фрагментов ДНК.	5			2
3	Обзор мировой практики в синтезе ДНК.	5			2
4	Виды РНК.	5			3
5	Модификация РНК.	3			2
6	Механизмы регуляции экспрессии генов.	2			2
7	Управление связыванием рибосом.	5			2
8	Методы анализа представленности РНК.	2	6		6
9	Устройство экспрессионных единиц в геномах разных организмов.	2	4		6
10	Ферментативная сборка олигонуклеотидов в гены или генные блоки.	3	4		9
11	Ферментативный синтез олигонуклеотидов.	2	5		6
12	Методы <i>in vivo</i> рекомбинации в <i>E. coli</i> и в <i>S. cerevisiae</i> .	2	3		6
13	Создание простой генетической программы в <i>E. coli</i> – транскрипционный фактор (не из <i>E. coli</i>) и регулируемый им ген-репортер (ген флуоресцентного белка).	2	3		6
14	История возникновения и развития синтетической биологии.	2	5		6
Итого часов		45	30		60

Подготовка к экзамену	0 час.
Общая трудоёмкость	135 час., 3 зач.ед.

4.2. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам)

Семестр: 7 (Осенний)

1. Синтез и системное изучение прокариотических организмов.

Существует несколько методов синтеза ДНК, таких как химический синтез, ферментативный синтез и синтез с использованием ПЦР. Химический синтез является наиболее точным методом, но он требует больших затрат времени и ресурсов. Ферментативный синтез является более быстрым и дешёвым методом, но он менее точен. Синтез с использованием ПЦР является наиболее распространённым методом, который сочетает в себе точность химического синтеза и скорость ферментативного синтеза.

2. Обзор методов и подходов получения синтетических фрагментов ДНК.

Химический синтез. Это классический метод синтеза коротких последовательностей ДНК с использованием фосфорамидитных мономеров. В этом методе каждый нуклеотид добавляется к растущей цепи ДНК в соответствии с заданной последовательностью. Химический синтез является наиболее точным методом получения фрагментов ДНК, но он требует специального оборудования и навыков.

Синтез на основе олигонуклеотидных матриц. Этот метод использует олигонуклеотидные матрицы, которые представляют собой короткие последовательности ДНК, комплементарные желаемой последовательности. Матрицы служат основой для синтеза более длинных фрагментов ДНК с помощью ферментов, таких как ДНК-полимераза. Этот метод позволяет получать более длинные фрагменты ДНК, чем химический синтез, но точность может быть ниже.

ПЦР (полимеразная цепная реакция). Этот метод используется для амплификации (увеличения количества) фрагментов ДНК. ПЦР включает в себя несколько циклов нагревания и охлаждения образца ДНК, что позволяет ферменту ДНК-полимеразе синтезировать новые копии фрагмента ДНК. Этот метод широко используется в молекулярной биологии и генетической инженерии.

Рекомбинантные методы. Эти методы используют рекомбинантную ДНК, которая создается путем объединения фрагментов ДНК из разных источников. Рекомбинантная ДНК может быть получена с помощью методов, таких как клонирование, трансформация и рестрикционное картирование. Эти методы позволяют создавать новые комбинации генов и исследовать их функции.

Синтетические методы на основе микрочипов. Микрочипы представляют собой миниатюрные платформы, на которых можно размещать множество коротких фрагментов ДНК или олигонуклеотидов. Микрочипы используются для анализа экспрессии генов, идентификации мутаций и других задач, связанных с исследованием генома.

3. Обзор мировой практики в синтезе ДНК.

Мировая практика в синтезе ДНК включает в себя разработку новых методов и технологий, а также применение синтеза ДНК для различных целей, таких как создание новых лекарств, разработка новых биотехнологий и др.

4. Виды РНК.

Виды РНК. Устройство экспрессионных единиц в геномах разных организмов.

Информационная (матричная) РНК (иРНК или мРНК) — переносит информацию о последовательности аминокислот в белках от ДНК к месту синтеза белка.

- Транспортная РНК (тРНК) — транспортирует аминокислоты к месту синтеза белка, где они соединяются в цепочку, образуя новый белок.
- Рибосомная РНК (рРНК) — входит в состав рибосом, которые служат для биосинтеза белка из аминокислот по заданной матрице на основе генетической информации.

Экспрессионные единицы в геномах разных организмов могут различаться в зависимости от типа организма и его функций. Однако в целом экспрессионная единица включает в себя следующие элементы:

5. Модификация РНК.

Модификация РНК. Структура РНК-полимераз и соответствующих структур в ДНК.

Структура РНК-полимераз и соответствующих структур в ДНК.

РНК-полимераза — это фермент, который катализирует синтез РНК с использованием ДНК в качестве матрицы. У прокариот существует один вид РНК-полимераз, которые отвечают за транскрипцию всех генов. В то же время у эукариот есть три вида РНК-полимераз:

- I — синтезирует рибосомные РНК;
- II — синтезирует мРНК и некоторые малые ядерные РНК;
- III — синтезирует транспортные РНК, а также малые РНК.

У этих ферментов есть общие черты в строении, но есть и различия. Рассмотрим их на примере РНК-полимеразы II эукариот.

Структура РНК-полимеразы II:

1. Каталитический центр — активный участок фермента, где происходит синтез РНК. Он состоит из двух субъединиц: RPB1 и RPB2.
2. Каркасный стержень — состоит из субъединицы RPB3 и обеспечивает стабильность структуры фермента.
3. С-концевой домен (CTD) — отвечает за взаимодействие с другими белками и факторами транскрипции. CTD состоит из повторяющихся последовательностей Tyr-Ser-Pro-Thr-Ser-Pro-Ser. Эти последовательности фосфорилируются во время транскрипции, что позволяет регулировать активность фермента.
4. Пальцы — отвечают за связывание с промоторами и другими регуляторными элементами ДНК. Пальцы состоят из субъединиц RPB5, RPB6, RPB7, RPB8, RPB9 и RPB10.
5. Большой палец — отвечает за правильное позиционирование фермента на матрице ДНК. Большой палец состоит из субъединицы RPB11.
6. Длинные петли — обеспечивают гибкость фермента и его адаптацию к различным условиям транскрипции.
7. Другие субъединицы — участвуют в регуляции активности фермента и формировании активного центра.

В целом, структура РНК-полимеразы обеспечивает её способность связываться с матрицей ДНК, расплетать двойную спираль, синтезировать РНК и освобождаться от матрицы после завершения синтеза.

Важно отметить, что структура РНК-полимераз может различаться у разных организмов и даже у разных видов одного организма. Это связано с тем, что разные виды РНК выполняют различные функции и требуют разной

6. Механизмы регуляции экспрессии генов.

Регуляция экспрессии генов — это процесс, с помощью которого организм контролирует производство белков и других продуктов на основе генетической информации. Этот процесс позволяет клеткам адаптироваться к изменяющимся условиям окружающей среды и выполнять свои функции.

Механизмы регуляции экспрессии генов включают:

Транскрипционный контроль: регуляция активности генов на уровне транскрипции (синтеза РНК). Это может быть достигнуто через взаимодействие регуляторных белков с промоторами или энхансерами генов.

Посттранскрипционный контроль: модификация РНК после её синтеза, например, сплайсинг (удаление интронов и соединение экзонов), альтернативный сплайсинг, редактирование РНК.

Трансляционный контроль: регуляция трансляции (синтеза белка) на основе доступности мРНК и факторов трансляции.

Контроль стабильности РНК: регуляция продолжительности жизни РНК путём изменения её деградации.

Эпигенетический контроль: изменение экспрессии генов без изменения последовательности ДНК, например, метилирование ДНК и модификации гистонов.

РНК-интерференция: подавление экспрессии определённых генов с помощью малых интерферирующих РНК (siRNA) и микроРНК (miRNA).

Протеасомная деградация белков: разрушение белков протеасомами в зависимости от их структуры и функций.

Эти механизмы позволяют организму быстро реагировать на изменения окружающей среды, регулировать клеточные процессы и обеспечивать нормальное развитие и функционирование организма. Они также играют важную роль в патогенезе различных заболеваний, таких как рак, аутоиммунные заболевания и нейродегенеративные расстройства.

7. Управление связыванием рибосом.

Связывание рибосом — это процесс присоединения рибосомы к матричной РНК (мРНК), которая содержит информацию о последовательности аминокислот в белке. Этот процесс является ключевым этапом синтеза белка.

В процессе связывания рибосома находит стартовый кодон на мРНК и присоединяется к нему. Затем рибосома начинает двигаться вдоль мРНК, «считывая» последовательность нуклеотидов, которые кодируют аминокислоты. Каждая тройка нуклеотидов (кодон) соответствует определённой аминокислоте. Рибосома распознаёт эти кодоны с помощью специальных молекул, называемых транспортными РНК (тРНК).

Управление связыванием рибосом включает несколько этапов:

1. Инициация. На этом этапе происходит присоединение малой субъединицы рибосомы к стартовому кодону на мРНК. Это происходит с помощью специального комплекса факторов инициации.
2. Элонгация. После того как малая субъединица присоединилась к мРНК, происходит присоединение большой субъединицы. В результате образуется функционально активная рибосома. Далее происходит «считывание» информации с мРНК: рибосома движется вдоль мРНК от одного кодона к другому, синтезируя белок.
3. Терминация. Когда рибосома достигает стоп-кодона на мРНК, синтез белка прекращается. Происходит отделение рибосомы от мРНК и освобождение синтезированного белка.
4. Регуляция. В клетках существуют механизмы регуляции синтеза белков, которые позволяют контролировать количество и качество синтезируемых белков. Эти механизмы могут влиять на связывание рибосом с мРНК или на скорость синтеза белка. Например, некоторые белки могут связываться с регуляторными участками мРНК и изменять её доступность для рибосом. Другие белки могут регулировать активность факторов инициации или элонгации, влияя на скорость связывания рибосом или синтеза белка.

Эти процессы управляются различными факторами, такими как наличие необходимых компонентов (рибосомные субъединицы, факторы инициации, элонгации и терминации), доступность энергии (АТФ), а также регуляторные молекулы, такие как гормоны и другие сигнальные молекулы.

Методы анализа представленности РНК. Аналитические методики. Нормализация библиотек. Анализ представленности РНК — это метод, который используется для изучения экспрессии генов в различных тканях и условиях. Он позволяет определить, какие гены активны в данный момент, и оценить уровень их экспрессии.

Для анализа представленности РНК используются различные аналитические методики:

Секвенирование РНК (RNA-Seq) — это наиболее распространённый метод анализа представленности РНК. Он основан на секвенировании всей РНК, выделенной из образца, и последующем анализе полученных данных. RNA-Seq позволяет получить информацию о всех генах, которые экспрессируются в данном образце, и об уровне их экспрессии.

Микрочипы (microarrays) — это ещё один метод анализа представленности РНК. Они представляют собой небольшие пластины, на которых расположены тысячи коротких последовательностей ДНК, соответствующих различным генам. Образец РНК наносится на микрочип, и происходит гибридизация между РНК и ДНК. Затем микрочип сканируется, и полученные данные анализируются. Микрочипы позволяют быстро получить информацию об экспрессии тысяч генов одновременно.

Нормализация библиотек — это процесс, который позволяет устранить различия в количестве РНК, выделенных из разных образцов. Это необходимо для того, чтобы результаты анализа были сопоставимы между разными образцами.

Существует несколько методов нормализации библиотек:

1. Нормализация по количеству клеток. Этот метод предполагает, что количество РНК, выделяемой из образца, пропорционально количеству клеток в этом образце. Для нормализации по количеству клеток необходимо знать количество клеток в каждом образце.
2. Нормализация по длине транскрипта. Этот метод основан на том, что длина транскрипта обратно пропорциональна его концентрации. Таким образом, можно нормализовать библиотеки по длине транскрипта, чтобы устранить различия в концентрации РНК между образцами.
3. Нормализация с использованием контроля. Этот метод заключается в добавлении к каждому образцу известного количества РНК из другого образца. Это позволяет нормализовать различия в эффективности выделения РНК между образцами.
4. Нормализация с помощью математических методов. Существует ряд математических методов, которые позволяют нормализовать библиотеки без использования дополнительных образцов. Эти методы основаны на статистических моделях, которые учитывают различия в количестве и качестве РНК между образцами.

Выбор метода нормализации зависит от конкретных целей и задач исследования.

9. Устройство экспрессионных единиц в геномах разных организмов.

Экспрессия генов — это процесс, в ходе которого наследственная информация от гена преобразуется в функциональный продукт — РНК или белок. Экспрессионные единицы в геномах разных организмов могут различаться по структуре и функциям.

В геноме прокариот экспрессионная единица обычно состоит из одного гена и регуляторных последовательностей, которые контролируют его экспрессию. У эукариот гены часто организованы в кластеры, состоящие из нескольких генов, кодирующих белки с общими функциями. Эти гены могут быть разделены некодирующими последовательностями, такими как интроны, которые удаляются при сплайсинге.

У эукариотических организмов также есть гены, которые кодируют молекулы РНК, такие как тРНК и рРНК. Они обычно организованы в виде оперонов, где несколько генов транскрибируются вместе в одну молекулу РНК. Затем эта молекула РНК подвергается процессингу для создания функциональных молекул РНК.

10. Ферментативная сборка олигонуклеотидов в гены или генные блоки.

Ферментативная сборка олигонуклеотидов в гены или генные блоки. Полимеразная и лигазная сборки. Проблема ошибок при сборке и методы борьбы с ошибками.

Ферментативная сборка олигонуклеотидов в гены или генные блоки — это процесс создания генов или геномных последовательностей путём соединения коротких фрагментов ДНК, называемых олигонуклеотидами. Этот процесс включает в себя несколько этапов:

1. Синтез олигонуклеотидных фрагментов с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР).
2. Отжиг и гибридизация олигонуклеотидов, чтобы они могли соединиться друг с другом.
3. Ферментативное соединение олигонуклеотидов с использованием ферментов, таких как лигазы или полимеразы.
4. Контроль качества полученных последовательностей с помощью секвенирования.

Полимеразная сборка использует фермент ДНК-полимеразу для соединения олигонуклеотидов. Полимераза добавляет нуклеотиды к 3'-концу одного олигонуклеотида, используя другой олигонуклеотид в качестве матрицы. Это позволяет соединить два олигонуклеотида в одну последовательность.

Лигазная сборка использует ферменты лигазы для соединения двух олигонуклеотидов. Лигазы соединяют два фрагмента ДНК через фосфодиэфирные связи.

При ферментативной сборке олигонуклеотидов могут возникать ошибки, такие как неправильное спаривание оснований, вставки или делеции нуклеотидов. Эти ошибки могут привести к неправильному синтезу белка или нарушению функции гена.

Для борьбы с ошибками при сборке используются следующие методы:

Контроль качества олигонуклеотидов. Олигонуклеотидные фрагменты должны быть синтезированы с высокой точностью, чтобы минимизировать вероятность ошибок.

Использование ферментов с высокой специфичностью. Ферменты, используемые для сборки, должны иметь высокую специфичность к своим субстратам, чтобы уменьшить вероятность неправильного спаривания оснований.

Оптимизация условий реакции. Условия реакции, такие как температура, pH и концентрация реагентов, могут влиять на точность сборки. Оптимизация этих параметров может помочь снизить вероятность ошибок.

Секвенирование полученных последовательностей. После сборки полученные последовательности можно секвенировать, чтобы убедиться в их правильности. Если обнаружены ошибки, их можно исправить с помощью дополнительных реакций.

Эти методы позволяют повысить точность ферментативной сборки олигонуклеотидов и получить последовательности с минимальным количеством ошибок.

11. Ферментативный синтез олигонуклеотидов.

Ферментативный синтез олигонуклеотидов. Получение протяжённых последовательностей ДНК из генных блоков. Метод Гибсона и его вариации (рекомбинация *in vitro*).

Ферментативный синтез олигонуклеотидов — это процесс создания коротких последовательностей ДНК или РНК с использованием ферментов, таких как ДНК-полимераза. Этот метод широко используется в молекулярной биологии и генной инженерии для синтеза фрагментов ДНК, которые могут быть использованы для различных целей, включая клонирование генов, создание праймеров для ПЦР и т.д.

Получение протяжённых последовательностей ДНК из генных блоков — это задача, которая может быть решена с помощью различных методов молекулярной биологии. Одним из таких методов является метод Гибсона и его вариации (рекомбинация *in vitro*).

Метод Гибсона был разработан в 2009 году и представляет собой метод сборки геномов *de novo*. Он основан на использовании двухцепочечных молекул ДНК, содержащих перекрывающиеся последовательности, и специфических ферментов рекомбинации. Эти ферменты позволяют соединять фрагменты ДНК в нужном порядке, создавая таким образом протяжённые последовательности ДНК.

Вариации метода Гибсона включают использование различных ферментов рекомбинации и модификаций протокола, что позволяет адаптировать метод под конкретные задачи и условия эксперимента.

12. Методы *in vivo* рекомбинации в *E. coli* и в *S. cerevisiae*.

Методы *in vivo* рекомбинации в *E. coli* и в *S. cerevisiae*. Golden Gate и примеры его применения. Синтетические геномы микроорганизмов и хромосомные сборки эукариот.

Понятие «рекомбинантная ДНК» тесно связано с понятием «клонирование». Если с первым термином всё понятно — это молекула, составленная из фрагментов ДНК разного происхождения, — то со вторым часто происходит путаница. Если речь, как в этой статье, идет о геномной инженерии, то под клонированием обычно подразумевается молекулярное клонирование, то есть введение интересующего фрагмента ДНК в молекулу-вектор, которая вместе с собой размножит этот фрагмент в какой-то клетке. Иногда ген нужно не копировать в составе вектора, а встроить в хромосому клетки, и тогда он будет размножаться только вместе с ней, при клеточном делении, а значит, далеко не как на ксероксе.

13. Создание простой генетической программы в *E. coli* – транскрипционный фактор (не из *E. coli*) и регулируемый им ген-репортер (ген флуоресцентного белка).

Создание простой генетической программы в *E. coli* – транскрипционный фактор (не из *E. coli*) и регулируемый им ген-репортер (ген флуоресцентного белка).

Моделирование реального научного исследования и практическая отработка методов геномной инженерии

14. История возникновения и развития синтетической биологии.

История возникновения и развития синтетической биологии. Международные и отечественные проекты в области системной и синтетической биологии.

Синтетическая биология — это новое направление, которое занимается созданием новых биологических систем или модификацией существующих с целью получения определённых свойств или функций. Сегодня синтетическая биология является быстро развивающейся областью науки, которая имеет широкий спектр применения. Синтетическая биология может быть использована для создания новых лекарств, вакцин, биосенсоров, а также для решения экологических проблем. Международные и отечественные проекты в области синтетической биологии направлены на разработку новых технологий и методов, которые позволят улучшить качество жизни людей и окружающей среды.

5. Описание материально-технической базы, необходимой для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Учебная аудитория, оснащенная компьютером и мультимедийным оборудованием (проектор, звуковая система).

6. Перечень рекомендуемой литературы

Основная литература

Основная литература предоставлена базовой кафедрой

Кулделл Н., Берштейн Р., Ингрэм К., Харт К.М. На пути к синтетической биологии

Коничев А. С., Севастьянова Г. А., Цветков И. Л. Молекулярная биология: учебник для вузов. - 5-е издание

Дополнительная литература

Литература предоставлена базовой кафедрой

В. Н. Княгинин и др. Источники новых индустрий. Выпуск 2. Синтетическая биология.

7. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети "Интернет", необходимых для освоения дисциплины (модуля)

Сайт МФТИ, на котором выложены презентации предыдущего курса лекций:

http://bio.fizteh.ru/student/files/mol_biology/

8. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень необходимого программного обеспечения и информационных справочных систем (при необходимости)

Для части занятий потребуется Zoom. Google Drive для доступа к материалам курса.

Приветствуется наличие во время занятий смартфонов/ноутбуков для участия в интерактивных упражнениях.

9. Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

Студент, изучающий дисциплину, должен с одной стороны, овладеть общим понятийным аппаратом, а с другой стороны, должен научиться применять теоретические знания на практике. В результате изучения дисциплины студент должен знать основные определения дисциплины, уметь применять полученные знания для решения различных задач.

Успешное освоение курса требует:

- посещения всех занятий, предусмотренных учебным планом по дисциплине;
- ведения конспекта занятий;
- напряжённой самостоятельной работы студента.

Самостоятельная работа включает в себя:

- чтение рекомендованной литературы;
- проработку учебного материала, подготовку ответов на вопросы, предназначенных для самостоятельного изучения;
- решение задач, предлагаемых студентам на занятиях;
- подготовку к выполнению заданий текущей и промежуточной аттестации.

Показателем владения материалом служит умение без конспекта отвечать на вопросы по темам дисциплины.

Важно добиться понимания изучаемого материала, а не механического его запоминания. При затруднении изучения отдельных тем, вопросов, следует обращаться за консультациями к преподавателю.

Возможен промежуточный контроль знаний студентов в виде решения задач в соответствии с тематикой занятий.

ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ (МОДУЛЮ)

по направлению:	Прикладные математика и физика
профиль подготовки:	Системная и синтетическая биология Физтех-школа Биологической и Медицинской Физики кафедра системной и синтетической биологии
курс:	<u>4</u>
квалификация:	бакалавр

Семестры, формы промежуточной аттестации:

- 7 (осенний) - Дифференцированный зачет
- 8 (весенний) - Дифференцированный зачет

Разработчик: В.М. Говорун, д-р биол. наук, профессор

1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины

Код и наименование компетенции	Индикаторы достижения компетенции
ОПК-1 Способен применять фундаментальные знания, полученные в области физико-математических и (или) естественных наук, и использовать их в профессиональной деятельности	ОПК-1.1 Способен анализировать поставленную задачу, намечать пути ее решения
ОПК-4 Способен осуществлять сбор и обработку научно-технической и (или) технологической информации для решения фундаментальных и прикладных задач	ОПК-4.1 Владеет методами научного поиска и интеллектуального анализа информации при решении задач профессиональной деятельности
	ОПК-4.2 Знает основные источники научно-технической и (или) технологической информации в области профессиональной деятельности
	ОПК-4.4 Владеет навыками работы с компьютером и компьютерными сетями с целью получения, хранения и обработки научной (технической, технологической) информации
ПК-2 Способен анализировать полученные в ходе научно-исследовательской работы данные и делать научные выводы (заключения)	ПК-2.2 Умеет находить ключевые параметры, определяющие изучаемое явление, и производить численные оценки по порядку величины
	ПК-2.3 Способен представлять научные утверждения, их обоснования и доказательства, научные проблемы и их решения ясно и точно в терминах, понятных для профессиональной аудитории, в письменной и устной форме
ПК-4 Способен критически оценивать применимость используемых методик и методов	ПК-4.2 Знает источники происхождения и умеет производить оценку погрешности измерений и достоверности экспериментальных результатов
	ПК-4.3 Способен обосновать причинно-следственные отношения используемых понятий и моделей

2. Показатели оценивания компетенций

В результате изучения дисциплины «Молекулярная биология, введение в системную и синтетическую биологию» обучающийся должен:

знать:

- принципы устройства организма на молекулярном уровне;
- фундаментальные основы экспериментальных методов в молекулярной биологии;
- основы синтетической биологии.

уметь:

- ставить цели и задачи, понимать поставленные цели и задачи при создании аналитических систем в медико-биологических исследованиях;
- использовать свои знания для решения задач и проведения экспериментальных исследований;
- оценивать корректность постановок задач и строить алгоритмы достижения их оптимального решения в различных (в том числе меняющихся) условиях.

владеть:

- навыками сбора, систематизации и анализа научно-технической и другой профессиональной информации;
- навыками самостоятельной работы в лаборатории.

3. Перечень типовых (примерных) вопросов, заданий, тем для подготовки к текущему контролю

1. Опишите основные этапы развития синтетической биологии.
2. Какие значимые международные проекты в области синтетической биологии вы знаете?

3. Перечислите методы синтеза прокариотических организмов.
4. Какие подходы применяются для получения синтетических фрагментов ДНК?
5. В чем состоит разница между химическим и ферментативным синтезом ДНК?
6. Назовите и охарактеризуйте основные виды РНК.
7. Какова структура РНК-полимераз и как они взаимодействуют с ДНК?
8. Объясните механизмы регуляции экспрессии генов.
9. Как осуществляется управление связыванием рибосом?
10. В чем заключаются основные проблемы и достижения синтетической биологии?

4. Перечень типовых (примерных) вопросов и тем для проведения промежуточной аттестации обучающихся

Вопросы к дифференцированному зачету:

1. Опишите методы анализа представленности РНК и их значимость.
2. Как устроены экспрессионные единицы в геномах прокариот и эукариот?
3. Какие методы ферментативной сборки олигонуклеотидов используются в современной биологии?
4. В чем состоит метод Гибсона и как он используется для синтеза ДНК?
5. Объясните процессы *in vivo* рекомбинации в *E. coli* и *S. cerevisiae*.
6. Каковы основные этапы создания синтетических геномов микроорганизмов?
7. Какие шаги включают в себя создание генетической программы в *E. coli*?
8. Как нормализуются библиотеки при анализе РНК?
9. Какие подходы используются для получения длинных последовательностей ДНК из генных блоков?
10. В чем заключаются перспективы синтетической биологии в разработке биотехнологий?

Критерии оценивания

Оценка отлично 10 баллов - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины, проявляющему интерес к данной предметной области, продемонстрировавшему умение уверенно и творчески применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.

Оценка отлично 9 баллов - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины и умение уверенно применять их на практике при решении конкретных задач, свободное и правильное обоснование принятых решений.

Оценка отлично 8 баллов - выставляется студенту, показавшему всесторонние, систематизированные, глубокие знания учебной программы дисциплины и умение уверенно применять их на практике при решении конкретных задач, правильное обоснование принятых решений, с некоторыми недочетами.

Оценка хорошо 7 баллов - выставляется студенту, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но недостаточно грамотно обосновывает полученные результаты.

Оценка хорошо 6 баллов - выставляется студенту, если он твердо знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но допускает в ответе или в решении задач некоторые неточности.

Оценка хорошо 5 баллов - выставляется студенту, если он в основном знает материал, грамотно и по существу излагает его, умеет применять полученные знания на практике, но допускает в ответе или в решении задач достаточно большое количество неточностей.

Оценка удовлетворительно 4 балла - выставляется студенту, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, недостаточно правильные формулировки базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, но при этом он освоил основные разделы учебной программы, необходимые для дальнейшего обучения, и может применять полученные знания по образцу в стандартной ситуации.

Оценка удовлетворительно 3 балла - выставляется студенту, показавшему фрагментарный, разрозненный характер знаний, допускающему ошибки в формулировках базовых понятий, нарушения логической последовательности в изложении программного материала, слабо владеет основными разделами учебной программы, необходимыми для дальнейшего обучения и с трудом применяет полученные знания даже в стандартной ситуации.

Оценка неудовлетворительно 2 балла - выставляется студенту, который не знает большей части основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубые ошибки в формулировках основных принципов и не умеет использовать полученные знания при решении типовых задач.

Оценка неудовлетворительно 1 балл - выставляется студенту, который не знает основного содержания учебной программы дисциплины, допускает грубейшие ошибки в формулировках базовых понятий дисциплины и вообще не имеет навыков решения типовых практических задач.

5. Методические материалы, определяющие процедуры оценивания знаний, умений, навыков и (или) опыта деятельности

Аттестация по дисциплине осуществляется в форме дифференцированного зачета. При проведении устного дифференцированного зачета обучающемуся предоставляется 45 минут на подготовку. Опрос обучающегося по билету при устном ответе не должен превышать одного астрономического часа.