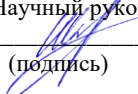
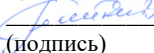
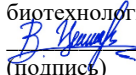




МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования  
**«Дальневосточный федеральный университет»**  
(ДФУ)  
**ПЕРЕДОВАЯ ИНЖЕНЕРНАЯ ШКОЛА**  
**«ИНСТИТУТ БИОТЕХНОЛОГИЙ, БИОИНЖЕНЕРИИ И ПИЩЕВЫХ СИСТЕМ»**

СОГЛАСОВАНО  
Научный руководитель ОП  
  
(подпись) Шкрыль Ю.Н.  
(ФИО)

Руководитель ОП  
  
(подпись) Пентехина Ю.К.  
(ФИО)

УТВЕРЖДАЮ  
И.о. декана Факультета промышленных  
биотехнологий и биоинженерии  
  
(подпись) Цыганков В.Ю.  
(И.О. Фамилия)

17 февраля 2023 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**  
Технологии секвенирования и секвенирование генома  
**Специальность 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика**  
Генная и клеточная инженерия  
Форма подготовки: очная

Рабочая программа составлена в соответствии с требованиями Федерального государственного образовательного стандарта по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденного приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от 12 августа 2020 г. № 973.

И.о. декана Факультета промышленных биотехнологий и биоинженерии, д-р биол. наук, доцент  
Цыганков В.Ю.

Составитель: Ph.D., научный сотрудник Пентехина Ю.К.

Владивосток  
2023

1. Рабочая программа пересмотрена и утверждена на заседании Факультета промышленных биотехнологий и биоинженерии, протокол от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 202\_\_ г. № \_\_\_\_\_
2. Рабочая программа пересмотрена и утверждена на заседании Факультета промышленных биотехнологий и биоинженерии, протокол от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 202\_\_ г. № \_\_\_\_\_
3. Рабочая программа пересмотрена и утверждена на заседании Факультета промышленных биотехнологий и биоинженерии, протокол от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 202\_\_ г. № \_\_\_\_\_
4. Рабочая программа пересмотрена и утверждена на заседании Факультета промышленных биотехнологий и биоинженерии, протокол от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 202\_\_ г. № \_\_\_\_\_
5. Рабочая программа пересмотрена и утверждена на заседании Факультета промышленных биотехнологий и биоинженерии, протокол от « \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 202\_\_ г. № \_\_\_\_\_

## Аннотация дисциплины

### *Технологии секвенирования и секвенирование генома*

Общая трудоемкость дисциплины составляет 4 зачётных единицы / 144 академических часа. Является дисциплиной части ОП, формируемой участниками образовательных отношений, изучается на 4 курсе и завершается экзаменом. Учебным планом предусмотрено проведение лекционных занятий в объеме 36 часов, лабораторных работ в объеме 36 часов, а также выделены часы на самостоятельную работу студента – 72 часа (в том числе 27 часов на подготовку к экзамену).

Язык реализации: русский.

**Цель:** формирование знаний в области биоинформатики, секвенирования, обработки данных, полногеномное секвенирование, практического применения полученных результатов; знание основ молекулярной биологии и ее применение в секвенировании.

#### **Задачи:**

- сформировать основополагающие концепции биоинформатики и круг основных задач, которые решаются в рамках биоинформатики;
- обучить способам получения, организации и анализа геномных данных;
- научить использовать основные подходы и методы биоинформатического анализа генома для решения конкретных научно-исследовательских и профессиональных задач;
- освоить навыки в применении полученных знаний в области молекулярной биологии и молекулярной генетики;
- сформировать практические навыки работы с биоинформатическими банками данных и другими биоинформатическими ресурсами;
- обучить навыкам поиска молекулярно-биологической информации в международных базах данных с помощью системы запросов;
- обучить методам обработки геномных данных.

Для успешного изучения дисциплины у обучающихся должны быть сформированы следующие предварительные компетенции: ПК-1.1 Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой; ПК-1.2 Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам, участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов; ПК-3.1 Составляет рекомендации по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов; ПК-3.2 Участвует в контроле качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции.

Компетенции студентов, индикаторы их достижения и результаты обучения по дисциплине:

Тип задач	Код и наименование компетенции (результат освоения)	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Наименование показателя оценивания (результата обучения по дисциплине)
Научно-исследовательский	ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	ПК-1.1 Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой	Знает специфику проведения научно-исследовательских проектов в области биоинженерии и биоинформатики и представления результатов исследования
			Умеет планировать научно-исследовательские проекты в области биоинженерии и биоинформатики, готовить отчетную документацию по итогам их реализации, представлять результаты исследований в различных формах дискуссий
		ПК-1.2 Использует полученные знания и профессиональные	Владеет навыками организации и реализации научно-исследовательских проектов в области биоинженерии и биоинформатики, подготовки отчетной документации и представления результатов исследований в различных формах дискуссий
			Знает научные проблемы по тематике проводимых исследований и разработок

		навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам, участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов	Умеет определять сферы применения результатов научно-исследовательских работ		
			Владеет методами проведения анализа научных данных, результатов экспериментов и наблюдений		
Производственно-технологический	ПК-3 Способен проводить производственно-технологическую деятельность в области биоинженерии, биоинформатики	ПК-3.1 Составляет рекомендации по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов	Знает стадии биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов		
			Умеет управлять отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов		
			Владеет навыками составления рекомендаций по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов		
				ПК-3.2 Участвует в контроле качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции	Знает этапы и методы контроля качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции
					Умеет осуществлять контроль качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции
					Владеет навыками организации и проведения контроля качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции

Для формирования вышеуказанных компетенций в рамках дисциплины «Технологии секвенирования и секвенирование генома» применяются следующие дистанционные образовательные технологии и методы / активного / интерактивного обучения: работа в малых группах; презентации с использованием различных вспомогательных средств с обсуждением; просмотр и обсуждение видеofilмов.

## I. ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

**Цель:** формирование знаний в области биоинформатики, секвенирования, обработки данных, полногеномное секвенирование, практического применения полученных результатов; знание основ молекулярной биологии и ее применение в секвенировании.

### **Задачи:**

- сформировать основополагающие концепции биоинформатики и круг основных задач, которые решаются в рамках биоинформатики;
- обучить способам получения, организации и анализа геномных данных;
- научить использовать основные подходы и методы биоинформатического анализа генома для решения конкретных научно-исследовательских и профессиональных задач;
- освоить навыки в применении полученных знаний в области молекулярной биологии и молекулярной генетики;
- сформировать практические навыки работы с биоинформатическими банками данных и другими биоинформатическими ресурсами;
- обучить навыкам поиска молекулярно-биологической информации в международных базах данных с помощью системы запросов;
- обучить методам обработки геномных данных.

Дисциплина «Технология секвенирования и секвенирование генома» является дисциплиной части ОП, формируемой участниками образовательных отношений. Для успешного изучения дисциплины у обучающихся должны быть сформированы следующие предварительные компетенции: ПК-1.1 Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой; ПК-1.2 Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам, участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов;

ПК-3.1 Составляет рекомендации по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов;

ПК-3.2 Участвует в контроле качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции.

Профессиональные компетенции студентов, индикаторы их достижения и результаты обучения по дисциплине:

Тип задач	Код и наименование профессиональной компетенции (результат освоения)	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Наименование показателя оценивания (результата обучения по дисциплине)
Научно-исследовательский	ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	ПК-1.1 Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой	Знает специфику проведения научно-исследовательских проектов в области биоинженерии и биоинформатики и представления результатов исследования
			Умеет планировать научно-исследовательские проекты в области биоинженерии и биоинформатики, готовить отчетную документацию по итогам их реализации, представлять результаты исследований в различных формах дискуссий
			Владеет навыками организации и реализации научно-исследовательских проектов в области биоинженерии и биоинформатики, подготовки отчетной документации и представления результатов исследований в различных формах дискуссий
		ПК-1.2 Использует полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам, участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов	Знает научные проблемы по тематике проводимых исследований и разработок
			Умеет определять сферы применения результатов научно-исследовательских работ
			Владеет методами проведения анализа научных данных, результатов экспериментов и наблюдений
Производственно-технологический	ПК-3 Способен проводить производственно-технологическую деятельность в области биоинженерии,	ПК-3.1 Составляет рекомендации по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с	Знает стадии биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов
			Умеет управлять отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов

	биоинформатики	использованием биоинженерных объектов	Владеет навыками составления рекомендаций по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов
		ПК-3.2 Участвует в контроле качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции	Знает этапы и методы контроля качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции
			Умеет осуществлять контроль качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции
			Владеет навыками организации и проведения контроля качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции

## II. ТРУДОЁМКОСТЬ ДИСЦИПЛИНЫ

Общая трудоемкость дисциплины составляет 4 зачётных единицы (144 академических часа).

## III. СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Форма обучения – очная

№	Наименование раздела дисциплины	С е м е с т р	Количество часов по видам учебных занятий и работы обучающегося						Формы промежуточной аттестации
			Лек	Лаб	Пр	ОК	СР	Конт-роль	
1.	Раздел 1. Биоинформатика и молекулярная биология	7	18	18	0	0	45	27	Экзамен
2.	Раздел 2. Секвенирование, обработка данных	7	18	18	0	0			
	ИТОГО:		36	36	0	0	45	27	

## IV. СОДЕРЖАНИЕ ТЕОРЕТИЧЕСКОЙ ЧАСТИ КУРСА

### Раздел 1. Биоинформатика и молекулярная биология

**Тема 1. Введение в биоинформатику и основные понятия молекулярной биологии**

Основы молекулярной биологии (краткое содержание). ДНК, РНК и белки: структура, функции, программное обеспечение для обработки данных



(краткая характеристика).

Генетический код, его свойства. Репликация ДНК, синтез белка. Организация геномов про- и эукариот. Системная биология. Экспрессия генов, генные сети. Геномика, транскриптомика, протеомика, метагеномика, метаболомика. Методы получения биологической информации: секвенирование, чипы, масс-спектры.

## **Тема 2. Методы анализа геномных данных**

Базы данных биологической информации, классификация (GenBank, и др.). Поиск последовательностей в базах данных. Форматы записи последовательностей (нуклеотидная fasta/fastq, аминокислотная fasta). Сравнение нуклеотидных и белковых последовательностей. Парное выравнивание. BLAST. Множественное выравнивание последовательностей: основные алгоритмы и их особенности. ClustalW, MAFFT, MUSCLE и др. Алгоритмы выравнивания геномных данных. Формат сырых файлов (риды: single-end, paired-end, mate-pair), оценка качества прочтений (Fastqc).

Секвенирование ДНК прокариот (задачи), алгоритмы сборки генома (OLC, de Bruijn). Контиги, скаффолды, финиширование. Проверка качества сборки: число контигов, N50, GC-состав. Аннотация сборки (поиск ORF, prokka). Отличия ресеквенированного генома от референсного: типы мутаций.

## **Тема 3. Методы анализа метагеномных данных**

Микробные сообщества, показатели альфа-, бета-разнообразия. Маркерные гены идентификации микроорганизмов. Методы оценки микробного разнообразия: классические (посевы на селективные среды), ПЦР-анализ, применение технологий секвенирования первого и второго поколений. Метагеном.

Шотган-секвенирование и секвенирование ампликонов 16S рРНК/ITS. Алгоритмы метагеномного анализа. Базы референсных последовательностей (Greengenes, SILVA, MetaPhlan). QIIME - инструмент для анализа ампликонов маркерных генов.

Визуализация разнообразия методом MDS. Анализ данных шотган-секвенирования. Таксономическое разнообразие (MetaPhlan), функциональное разнообразие (ChocoPhlan). Сборка метагеномов. Задачи, решаемые путем метагеномного анализа.

#### **Тема 4. Методы анализа транскриптомных данных**

Анализ экспрессии генов при помощи микрочипов и RNA-seq. Типы РНК, область применения разных RNA-seq. Пайплайн транскриптомного анализа (выравнивание, сборка транскриптов, анализ дифференциальной экспрессии). Нормализация. Статистический анализ полученных профилей. Визуализация данных.

#### **Тема 5. Методы анализа протеомных данных**

Масс-спектрометрия и чипы. Программы, позволяющие из фрагментарных данных масс-спектрометрии и чипов выдавать данные о почти полностью собранных из этих фрагментов белках. Программы, основанные на построении выравниваний фрагментов с известными белками из баз данных UniProt и PROSITE. Существующие инструменты, определяющие посттрансляционные модификации. Вычислительные методы биоинформатики для изучения белков-биомаркеров. Протеогеномика – методы протеомики для подтверждения данных, полученных из геномных последовательностей. Структурная протеомика – широкомасштабные исследования структур белков на основе данных рентгеноструктурного анализа и ЯМР-спектроскопии.

### **Раздел 2. Секвенирование, обработка данных**

#### **Тема 1. Основные технологии секвенирования, NGS. Подготовка библиотек**

Технологии секвенирования: метод обрыва цепи (по Сэнгеру), пиросеквенирование, секвенирование путём синтеза с обратимым терминированием (Illumina), полупроводниковое секвенирование, секвенирование путём лигирования, секвенирование единичной молекулы (секвенирование третьего поколения). Сферы использования секвенирования

нового поколения. Секвенирование NGS в медицине. Основные методы подготовки библиотек, протоколы Illumina, практическое применение.

## **Тема 2. Базовые алгоритмы анализа данных**

Основные форматы данных, используемые при анализе результатов секвенирования. Типовые схемы работы по обработке результатов секвенирования, ОС Linux, удаленная работа на сервере. Проверка качества прочтений ДНК библиотек.

## **Тема 3. Биоинформатические методы обработки чтений ДНК**

Алгоритмы геномной биоинформатики, понятие сложности алгоритмов. Категории качества геномных сборок. Основные программы сборки генома. Понятие выравнивания чтений ДНК на референсный геном. Форматы файлов с результатами выравнивания. Поиск однонуклеотидных вариантов в геноме. Использование программ для выравнивания. Аннотация генов в бактериальном геноме. Работа с программами поиска генов в геномах эукариот.

## **Тема 4. Биоинформатические методы обработки чтений РНК**

Основные сферы использования секвенирования РНК и типовые задачи, решаемые с помощью данной технологии. Типовая схема работы по анализу дифференциальной экспрессии генов в ответ на стресс. Анализ альтернативного сплайсинга с использованием РНК-чтений. Основные направления использования РНК-чтений для организма без референсного генома. Картирование РНК-чтений на референсный геном с использованием структурной аннотации. Альтернативные подходы к подсчёту дифференциальной экспрессии. Сборка транскриптома. Структурная аннотация сборки. Функциональная аннотация дифференциально экспрессирующихся транскриптов.

# **V. СОДЕРЖАНИЕ ПРАКТИЧЕСКОЙ ЧАСТИ КУРСА**

## **ЛАБОРАТОРНЫЕ РАБОТЫ**

### **ЛАБОРАТОРНАЯ РАБОТА 1-5. Подготовка библиотек**

Протоколы Illumina, использование.

Выделение геномной ДНК (выделение ДНК из клеток и тканей,

контроль качества ДНК). Обзор экспериментальных процедур подготовки ДНК библиотек для секвенирования на платформе Illumina (секвенатор MiSeq и MiniSeq).

Выделение ДНК из бактериальной культуры. Подготовка библиотеки ДНК для секвенирования на платформе Illumina (фрагментация, репарация концов, аденилирование, лигирование, очистка). Амплификация, очистка после амплификации и оценка качества геномной библиотеки.

### **ЛАБОРАТОРНАЯ РАБОТА 6. Секвенирование**

Секвенирование таргетных генов, полногеномное секвенирование.

### **ЛАБОРАТОРНАЯ РАБОТА 7-10. Биоинформатический анализ данных**

## **VI. КОНТРОЛЬ ДОСТИЖЕНИЯ ЦЕЛЕЙ КУРСА**

№ п/п	Контролируемые разделы/темы дисциплины	Код и наименование индикатора достижения	Результаты обучения	Оценочные средства*	
				текущий контроль	промежуточная аттестация
1.	Раздел 1. Биоинформатика и молекулярная биология  Раздел 2. Секвенирование, обработка данных	ПК-1.1 Применяет современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой	Знает специфику проведения научно-исследовательских проектов в области биоинженерии и биоинформатики и представления результатов исследования	УО-4 ПР-6 ПР-7	-
			Умеет планировать научно-исследовательские проекты в области биоинженерии и биоинформатики, готовить отчетную документацию по итогам их реализации, представлять результаты исследований в различных формах дискуссий	ПР-6 ПР-7	-
			Владеет навыками организации и реализации научно-исследовательских проектов в области биоинженерии и биоинформатики, подготовки отчетной документации и представления результатов исследований в различных формах дискуссий	ПР-4 ПР-11	-
		ПК-1.2 Использует полученные знания и	Знает научные проблемы по тематике проводимых исследований и разработок	ПР-4 ПР-6 ПР-7	-

		профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам, участвует в конструировании модифицированных или новых биологических объектов	Умеет определять сферы применения результатов научно-исследовательских работ	УО-4 ПР-11	-
			Владеет методами проведения анализа научных данных, результатов экспериментов и наблюдений	ПР-6 ПР-7 ПР-12	-
2.	Раздел 1. Биоинформатика и молекулярная биология	ПК-3.1 Составляет рекомендации по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов	Знает стадии биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов	ПР-6 ПР-7	-
			Умеет управлять отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов	ПР-6 ПР-7 ПР-11	-
			Владеет навыками составления рекомендаций по управлению отдельными стадиями биотехнологических процессов с использованием биоинженерных объектов	УО-4 ПР-7 ПР-11	-
	Раздел 2. Секвенирование, обработка данных	ПК-3.2 Участвует в контроле качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции	Знает этапы и методы контроля качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции	ПР-6 ПР-7	-
			Умеет осуществлять контроль качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции	ПР-7 ПР-12	-
			Владеет навыками организации и проведения контроля качества и безопасности сырья, материалов, биоинженерных объектов и выпускаемой продукции	ПР-7 ПР-11	-
	Экзамен			-	УО-1

\* Формы оценочных средств:

1) собеседование (УО-1), коллоквиум (УО-2); доклад, сообщение (УО-3); круглый стол, дискуссия, полемика, диспут, дебаты (УО-4); и т.д.

2) тесты (ПР-1); контрольные работы (ПР-2), эссе (ПР-3), рефераты (ПР-4), курсовые работы (ПР-5), научно-учебные отчеты по практикам (ПР-6); практические задания (ПР-7); портфолио (ПР-8); проект (ПР-9); деловая и/или ролевая игра (ПР-10); ситуационные задачи (ПР-11); рабочая тетрадь (ПР-12); кроссворды (ПР-13) и т.д.

3) тренажер (ТС-1); и т.д.

## **VII. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ОБУЧАЮЩИХСЯ**

Самостоятельная работа определяется как индивидуальная или коллективная учебная деятельность, осуществляемая без непосредственного руководства педагога, но по его заданиям и под его контролем. Самостоятельная работа – это познавательная учебная деятельность, когда последовательность мышления студента, его умственных и практических операций и действий зависит и определяется самим студентом.

Самостоятельная работа студентов способствует развитию самостоятельности, ответственности и организованности, творческого подхода к решению проблем учебного и профессионального уровня, что в итоге приводит к развитию навыка самостоятельного планирования и реализации деятельности.

Целью самостоятельной работы студентов является овладение необходимыми компетенциями по своему направлению подготовки, опытом творческой и исследовательской деятельности.

Формы самостоятельной работы студентов:

- работа с основной и дополнительной литературой, Интернет ресурсами;
- самостоятельное ознакомление с лекционным материалом, представленным на электронных носителях, в библиотеке образовательного учреждения;
- подготовка реферативных обзоров источников периодической печати, опорных конспектов, заранее определенных преподавателем;
- поиск информации по теме, с последующим ее представлением в аудитории в форме доклада, презентаций;
- подготовка к выполнению аудиторных контрольных работ;
- выполнение домашних контрольных работ;
- выполнение тестовых заданий, решение задач;
- составление кроссвордов, схем;

- подготовка сообщений к выступлению на семинаре, конференции;
- заполнение рабочей тетради;
- написание эссе, курсовой работы;
- подготовка к деловым и ролевым играм;
- составление резюме;
- подготовка к зачетам и экзаменам;
- другие виды деятельности, организуемые и осуществляемые образовательным учреждением и органами студенческого самоуправления.

## **VIII. СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ И ИНФОРМАЦИОННО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

### **Основная литература**

1. Стефанов, В.Е. Биоинформатика: учебник для вузов / В.Е. Стефанов, А.А. Тулуб, Г.Р. Мавропуло-Столяренко. - М.: Издательство Юрайт, 2023. - 252 с. – Режим доступа: <https://urait.ru/book/bioinformatika-511736>
2. NGS: высокопроизводительное секвенирование: монография / Д.В. Ребриков, Д.О. Коростин, Е.С. Шубина, В.В. Ильинский; под общ. ред. Д.В. Ребрикова. - 3-е изд. – М.: Лаборатория знаний, 2020. - 235 с. – Режим доступа: <https://znanium.com/catalog/product/1200533>
3. Субботина, Т.Н. Молекулярная биология и геномная инженерия: практикум / Т.Н. Субботина, П.А. Николаева, А.Е. Харсекина. - Красноярск: Сиб. федер. ун-т, 2018. - 60 с. – Режим доступа: <https://znanium.com/catalog/document?id=342136>

### **Дополнительная литература**

1. Сусянок, Г.М. Основы биохимии: учебник / Г.М. Сусянок. - 2-е изд., испр. – М.: ИНФРА-М. - 2021. - 400 с. – Режим доступа: <https://znanium.com/catalog/product/1003787>
2. Молекулярная биология. Практикум: учебное пособие для вузов / А.С. Конищев [и др.]; под редакцией А.С. Конищевой. - 2-е изд. – М.:

Издательство Юрайт, 2023. - 169 с. – Режим доступа:  
<https://urait.ru/book/molekulyarnaya-biologiya-praktikum-517094>

3. Нефедова, Л.Н. Применение молекулярных методов исследования в генетике: учебное пособие / Л.Н. Нефедова. - М.: ИНФРА-М, 2023. - 104 с. – Режим доступа: <https://znanium.com/catalog/product/1905746>

### **Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»**

1. NCBI: National Library of Medicine. National Center for Biotechnology Information. - URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

2. National Library of Medicine. National Center for Biotechnology Information. Blastn, Blastp. – URL:  
[https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE\\_TYPE=BlastSearch](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch)

3. Protein analysis. – URL : <https://web.expasy.org>

4. Carbohydrate active enzyme system. – URL : <http://www.cazy.org>

5. Domain structure analysis. – URL: <https://pfam.xfam.org>

6. Анализ последовательности белка. - URL:  
[http://molbiol.ru/scripts/01\\_18.html](http://molbiol.ru/scripts/01_18.html)

7. Aligned Sequences Analysis. - URL: <https://espript.ibcp.fr/ESPript/cgi-bin/ESPript.cgi>

8. Manually curated database of bioactive molecules with drug-like properties. - URL: <https://www.ebi.ac.uk/chembl/>

9. Type (Strain) Genome Server. - URL: <https://tygs.dsmz.de>

### **Перечень информационных технологий и программного обеспечения**

1. Программное обеспечение: Microsoft Word, Microsoft Excel, Microsoft PowerPoint, Chimera 1.13.1, PyMOL.

2. Операционные системы: Linux, Windows.



## **IX. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ**

Успешное освоение дисциплины предполагает активную работу студентов на всех занятиях аудиторной формы: лекциях и практиках, выполнении аттестационных мероприятий. В процессе изучения дисциплины студенту необходимо ориентироваться на проработку лекционного материала и подготовку к лабораторным занятиям.

Освоение дисциплины «Технологии секвенирования и секвенирование генома» предполагает рейтинговую систему оценки знаний студентов и предусматривает со стороны преподавателя текущий контроль за посещением студентами лекций, подготовкой и выполнением всех практических заданий, выполнением всех видов самостоятельной работы.

Промежуточной аттестацией по дисциплине «Технологии секвенирования и секвенирование генома» является экзамен.

Студент считается аттестованным по дисциплине при условии выполнения всех видов текущего контроля и самостоятельной работы, предусмотренных учебной программой.

Шкала оценивания сформированности образовательных результатов по дисциплине представлена в фонде оценочных средств (ФОС).

## **X. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

Учебные занятия по дисциплине «Технологии секвенирования и секвенирование генома» проводятся в помещениях, оснащенных соответствующим оборудованием и программным обеспечением.

Перечень материально-технического и программного обеспечения дисциплины приведен в таблице.

Материально-техническое и программное обеспечение дисциплины

Наименование специальных помещений и помещений для самостоятельной работы	Оснащенность специальных помещений и помещений для самостоятельной работы	Перечень лицензионного программного обеспечения. Реквизиты подтверждающего документа
Учебная аудитория для проведения занятий лекционного и	Экран проекционный ScreenLine Trim White Ice 50 см черная кайма сверху, размер рабочей области 236x147 см	

<p>семинарского типа, оснащенная оборудованием и техническими средствами обучения (690922, Приморский край, г. Владивосток, о. Русский, п. Аякс, 10, корпус G, каб. G616)</p>	<p>Документ-камера AVervision CP355AF ЖК-панель 47", Full HD, LG M4716 ССВА Мультимедийный проектор, Mitsubishi EW330U, 3000 ANSI Lumen, 1280x800 Сетевая видеочка Multipix MP-HD718</p>	
<p>Учебная аудитория для проведения лабораторных занятий (Лаборатория секвенирования ДНК) (690922, Приморский край, г. Владивосток, о. Русский, п. Аякс, 10, корпус L, каб. L710)</p>	<p>Комплект лабораторной мебели (столы и стулья), специализированное лабораторное оборудование: Генетический анализатор (секвенатор) ДНК 3130 XL (Applied Biosystems) – 1 шт.; ПЦР-система, детектирующая продукты реакции в режиме реального времени Real-Time PCR; Центрифуга Allegra X-22R (ускорение 22 065) (Beckman Coulter, Австрия) – 1 шт.; Центрифуга 5417 R. (ускорение 20 800) (Eppendorf, Германия) – 1 шт.</p>	
<p>Аудитории для самостоятельной работы студентов (690922, Приморский край, г. Владивосток, о. Русский, п. Аякс, 10, корпус А, каб. А1007 (А1042))</p>	<p>Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду ДВФУ. Комплекты учебной мебели (столы и стулья). Моноблок Lenovo C360G-i34164G500UDK – 115 шт. Интегрированный сенсорный дисплей Polymedia FlipBox. Копир-принтер-цветной сканер в e-mail с 4 лотками Xerox WorkCentre 5330 (WC5330C). Полноцветный копия-принтер-сканер Xerox WorkCentre 7530 (WC7530CPS). Скорость доступа в Интернет 500 Мбит/сек. Рабочие места для людей с ограниченными возможностями здоровья оснащены дисплеями и принтерами Брайля; оборудованы: портативными устройствами для чтения плоскочечатных текстов, сканирующими и читающими машинами видеоувеличителем с возможностью регуляции цветовых спектров; увеличивающими электронными лупами и ультразвуковыми маркировщиками</p>	