

## Аннотация рабочей программы дисциплины «Селекция и генетика»

### 1. Цели освоения дисциплины.

Представляемая программа направлена на подготовку студентов-биологов, специализирующихся в области генетики человека и животных и владеющих современными методами молекулярной генетики и цитогенетики с целью изучения геномики человека и сельскохозяйственных животных и ее практического использования для профилактики, диагностики и лечения наследственных и ненаследственных (мультифакториальных) болезней человека и животных, а также для проведения маркерной селекции у сельскохозяйственных животных.

### 2. Место дисциплины (модуля) в структуре ООП бакалавриата.

Дисциплины по выбору вариативной части Блока 1. Дисциплины (модули).

### 3. Краткое содержание дисциплины (модуля).

Актуальные проблемы генетики: теоретические и практические аспекты. Основные направления генетических исследований.

Ферментный инструментарий. Ферменты, применяемые в молекулярно-генетическом исследовании. Рестриктазы: I, II и III типов. Изошизомеры. Изменение субстратной специфичности рестриктаз в неоптимальных условиях. Построение рестрикционных карт.

ДНК-метилазы, их использование для получения крупных рестрикционных фрагментов ДНК. ДНК-лигазы. Механизм лигирования ДНК T4-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.

Стратегии выделения новых генов и оптимизации их экспрессии. Факторы, оказывающие влияние на эффективность экспрессии рекомбинантных генов в бактериальных клетках.

Метод полимеразной цепной реакции (ПЦР). Стандартные условия и критические параметры проведения ПЦР. Разновидности ПЦР: метод «горячего старта», КТ-ПЦР, амплификация длинных фрагментов ДНК, методы повышения точности амплификации. Проблема количественного определения содержания матричных полинуклеотидов в амплифицируемых образцах. ПЦР в реальном времени. Получение точковых мутаций, делеций и вставок с помощью ПЦР.

Генетические и физические карты генома.

Гибридизация по Саузерну. Концепция STS-маркеров. Контиги. Компьютерный анализ нуклеотидных последовательностей. Электронная ПЦР.

Вектор и его емкость. Полилинкер. Функциональная классификация векторов: экспрессирующие векторы, челночные (бинарные) векторы. Особенности строения плаزمидов векторов. Векторы на основе хромосомы фага  $\lambda$ . Космиды и фазмиды в качестве векторов. Ретровирусные и аденовирусные векторы, векторы на основе хромосом аденоассоциированных вирусов. Принципы адресной доставки трансгенов. Управление экспрессией трансгенов в клетках-мишенях. Сверхъемкие векторы YAC, BAC и PAC.

Выявление дифференциально экспрессирующихся генов: дифференциальный дисплей, анализ репрезентативных различий (в мРНК) (RDA), вычитающая гибридизация.

Секвенирование. Современное оборудование: приборы и технические средства.

Клонирование ДНК. Клонирование фрагментов ДНК по сайтам рестрикции, а также с использованием адаптеров, линкеров и коннекторов.

Библиотеки и клонотеки кДНК, генов и нуклеотидных последовательностей. Получение библиотек EST-последовательностей. Методы скрининга библиотек и клонотек ДНК. Гибридизация с зондами. Использование ПЦР. Использование антител и функциональные тесты.

Способы введения ДНК в клетки: трансформация, трансфекция, электропорация.

Компьютерные технологии в генетическом анализе. Компьютерное моделирование. Базы данных: NCBI, KEGG, SWISS-PROT, EMBL и др..

Методы статистической обработки результатов исследования. Техническое обеспечение генетического исследования

Написание статьи, научного отчета.

4. Осваиваемые компетенции: ОК-7, ОПК-7.