



Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
ФГБОУ ВО «ИГУ»

Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

УТВЕРЖДАЮ
Декан биолого-почвенного факультета
Матвеев А.Н.
«10» марта 2020 г.



Рабочая программа дисциплины

Наименование дисциплины: **Б1.В.10 «БОЛЬШОЙ ПРАКТИКУМ ПО ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКОЙ БИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ»**

Направление подготовки: 06.03.01 «Биология»

Тип образовательной программы: академический бакалавриат

Направленность (профиль) подготовки: «Физико-химическая биология и биотехнология»

Квалификация выпускника: Бакалавр

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биолого-почвенного факультета

Рекомендовано кафедрой:

Протокол № 4 от 10 марта 2020 г.

Протокол № 11 от 18 февраля 2020 г.

Председатель _____
проф. Матвеев А.Н.

Зав. кафедрой _____ Саловарова В.П.

Иркутск 2020 г.

Содержание

	стр.
1. Цели и задачи дисциплины	3
2. Место дисциплины в структуре ОПОП.	3
3. Требования к результатам освоения дисциплины	4
4. Объем дисциплины и виды учебной работы	5
5. Содержание дисциплины	6
5.1 Содержание разделов и тем дисциплины	6
5.2 Разделы дисциплины и междисциплинарные связи с обеспечиваемыми (последующими) дисциплинами	9
5.3 Разделы и темы дисциплин и виды занятий	9
6. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ, план самостоятельной работы студентов, методические указания по организации самостоятельной работы студентов.	10
7. Примерная тематика курсовых работ (проектов) (при наличии)	12
8. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины:	12
а) основная литература;	12
б) дополнительная литература;	12
в) программное обеспечение;	13
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы	13
9. Материально-техническое обеспечение дисциплины	14
10. Образовательные технологии	15
11. Оценочные средства (ОС)	15

1. Цели и задачи дисциплины (модуля):

Целью освоения учебной дисциплины «Большой практикум» является:

- Изучить и освоить на практике основные принципы и концепции исследования биополимеров с использованием физико-химических, молекулярно-биологических и биоинформационных методов.

Задачи дисциплины:

- Получить практический опыт использования физико-химических, молекулярно-биологических и биоинформационных методов для исследования биологических макромолекул – белка и нуклеиновых кислот;
- Дать представление о роли этих методов в современной естественно-научной методологии;
- Изучить основные методы и подходы, используемые для выделения, очистки, разделения и идентификации биомолекул;
- изучить принципы постановки эксперимента и теоретической обработки результатов исследований;
- ознакомиться с принципиальными особенностями биохимического и молекулярно-биологического анализа реальных биологических объектов;
- освоить методы биоинформатики, включая работу с молекулярными базами данных, выравнивание последовательностей и молекулярную визуализацию;
- изучить возможности приложения методов информационной биологии, в том числе, теоретического анализа и компьютерного моделирования, к решению фундаментальных и прикладных проблем современной биологии, медицины, фармакологии и экологии.

2. Место дисциплины в структуре ОПОП:

Предмет «Большой практикум по физико-химической биологии и биотехнологии» является обязательной дисциплиной вариативной части учебного плана подготовки бакалавров по профилю «Физико-химическая биология и биотехнология» направления 06.03.01 – Биология.

Содержание курса базируется на результатах, полученных в области математического анализа, информатики, различных разделов химии и биологии, поэтому его основные положения разрабатывались с учетом знаний и умений, полученных при изучении предшествующих дисциплин бакалавриата: «Математика», «Органическая химия», «Биохимия и молекулярная биология», «Общая биология», «Физико-химические методы в биологии», «Биофизика», «Генетика», «Молекулярная биология клетки». Для успешного выполнения заданий «Большого практикума по физико-химической биологии и биотехнологии» студент должен знать основные методы, теории и законы предшествующих естественнонаучных дисциплин:

- физика: физические методы исследования строения вещества, включая спектроскопические и электрохимические методы.
- химия: строение и физико-химические свойства основных классов соединений; закономерности протекания химических реакций; ферментативный катализ, химические методы исследования биоорганических молекул.
- биология: молекулярные основы теории эволюции; строение и свойства белков и нуклеиновых кислот; матричные процессы в клетке и их регуляция; биологическая номенклатура и таксономия.
- математика: статистический анализ; основы математического моделирования.

- информатика: структура и общие свойства информации; ее сбор, хранение, поиск, переработка, преобразование, распространение и использование.

Данная дисциплина является необходимой основой при изучении последующих курсов, рассматривающих вопросы взаимосвязи биологии, биотехнологии и информатики («Математические методы в экспериментальной биологии», «Нанобиотехнологии», «Основы биоинформатики», «Основы биоинженерии», «Практическая биоинформатика»), а так же для прохождения преддипломной практики и выполнения выпускной квалификационной работы.

3. Требования к результатам освоения дисциплины:

Процесс изучения дисциплины (модуля) направлен на формирование следующих компетенций:

- способность эксплуатировать современную аппаратуру и оборудование для выполнения научно-исследовательских полевых и лабораторных биологических работ (ПК-1);
- способность применять на практике приемы составления научно-технических отчетов, обзоров, аналитических карт и пояснительных записок, излагать и критически анализировать получаемую информацию и представлять результаты полевых и лабораторных биологических исследований (ПК-2);
- способность свободно владеть специализированной терминологией, ориентироваться в основных проблемах и задачах биологии, физико-химической биологии, биоинформатики, биоинженерии и биотехнологии, применять эти знания в экспериментальной и теоретической деятельности (СПК-1);
- способность использовать основные средства анализа геномной, структурной и другой биологической информации и способностью использовать основные биологические базы данных, в том числе содержащие геномную, структурную и другую информацию, в научно-исследовательской работе и практической деятельности (СПК-2);
- способность получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков и другой биологической информации (СПК-3);
- способность владеть физико-химическими методами исследования макромолекул, методами исследования и анализа живых систем, математическими методами обработки результатов биологических исследований, методами биоинженерии и биотехнологии, необходимыми для профессиональной деятельности (СПК-4);
- способность проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме, и участвовать в различных формах дискуссий (СПК-5).

В результате изучения дисциплины студент должен:

Знать:

- способы приготовления необходимых для исследований реактивов и иных расходных материалов;
- специфичную терминологию, относящуюся к профилю подготовки, классификацию методов исследований;
- основные принципы, теории и законы, лежащие в основе методов биоинформатики и биоинженерии;

- сущность осваиваемых методов, особенности их применения в современных биологических исследованиях;
- основные аппаратные и программные средства, используемые в молекулярно-биологических и биоинформационных исследованиях;
- принципы работы с базами данных и с обслуживающими их приложениями, методы поиска и обработки информации о последовательностях и структурах биомолекул;
- новейшие достижения в области биоинженерии и биоинформатики и перспективы их практического и теоретического использования.

Уметь:

- работать с основными типами приборов, используемых в молекулярно-биологическом и биохимическом анализе;
- выполнять исходные вычисления, производить расчеты по результатам эксперимента, проводить статистическую обработку экспериментальных данных;
- устанавливать связи между методами исследования, структурой и свойствами биополимеров;
- осуществить выбор наиболее оптимального информационно-вычислительного и/или физико-химического метода исследования в зависимости от поставленной задачи;
- использовать полученные знания и навыки для решения профессиональных задач.
- организовывать поиск информации в базах данных и использовать возможности программных средств и сетевых технологий для молекулярно-биологических исследований;

Владеть:

- навыками работы с химическими реагентами и аналитическими приборами;
- техникой выполнения основных аналитических операций при проведении молекулярно-биологических и биоинформационных исследований;
- навыками работы с научной и учебной литературой;
- методами теоретической обработки и анализа эмпирических данных.
- навыками работы с биологическими базами данных и обслуживающими их приложениями;
- базовыми пакетами прикладных программ для анализа структуры и последовательной биологических макромолекул.

4. Объем дисциплины и виды учебной работы

Вид учебной работы	Всего часов / зачетных единиц	Семестры	
		6	7
Аудиторные занятия (всего)	204 / 5,67	96 / 2,67	108 / 3
Из них объем занятий с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий	24 / 0,67	10 / 0,28	14 / 0,39
В том числе:			
Лекции	-	-	-
Практические занятия (ПЗ)	-	-	-
Семинары (С)	-	-	-
Лабораторные работы (ЛР)	204 / 5,67	96 / 2,67	108 / 3
КСР	-	-	-
Самостоятельная работа (всего)	120	48	72
В том числе:			
Курсовой проект (работа)	-	-	-
Расчетно-графические работы	72 / 2	36 / 1	36 / 1
Реферат	-	-	-
<i>Другие виды самостоятельной работы</i>			
Письменные работы	48 / 1,33	12 / 0,33	36 / 1
Вид промежуточной аттестации (зачет)	-	-	-
Контактная работа (всего)	204 / 5,67	96 / 2,67	108 / 3
Общая трудоемкость	часы	324	144
	зачетные единицы	9	5

5. Содержание дисциплины

5.1. Содержание разделов и тем дисциплины.

Раздел 1. Белки

Лабораторная работа № 1. Количественное определение белка методом оптической спектроскопии

Закономерности взаимодействия вещества с электромагнитной волной. Абсорбция электромагнитной волны молекулой вещества. Закон Ламберта – Бэра. Молярный коэффициент экстинкции. Оптическая плотность. Практическое применение закона Ламберта-Бэра. Калибровочная прямая и уравнение линейной регрессии. Метод Лоури. Метод Кингслея-Вексельбаума (биуретовая реакция). Спектрофотометрический метод, формула Калькара.

Подготовка к работе фотоэлектрокалориметра и порядок работы на нем. Построение калибровочного графика. Расчет параметров калибровочной прямой. Определение концентрации белка в растворе. Расчет общего количества белка. Статистическая оценка достоверности результатов измерений. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 2. Фракционирование белка методом дробного осаждения

Высаливание как метод очистки и выделения белка. Достоинства метода и границы его применимости. Молекулярные механизмы высаливания. Ряд Гофмейстера. Факторы, определяющие растворимость белка: температура, pH, исходная концентрация белка, ионная сила раствора. Формула расчета ионной силы. Соосаждение. Проблема потери целевого белка, вызванной соосаждением. Экстракционное высаливание, его особенности.

Расчет концентраций сульфата аммония, необходимых для дробного фракционирования белка. Приготовление рабочих растворов. Определение общего количества белка в исходном растворе. Дробное осаждение белка серией концентраций сульфата аммония 1М (25%); 1,6 М (40%); 2,4 М (60%); 3,2 М (80%). Определение содержания белка в полученных фракциях. Расчет баланса белка между исходным раствором и полученными фракциями. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 3. Обессоливание белка методом гель-фильтрации

Хроматография – общий принцип метода. Виды хроматографии по агрегатному состоянию фаз, в зависимости от механизма разделения и аппаратного оформления. Принцип разделения смесей молекул методом гель-проникающей хроматографии (ГПХ). Основные понятия ГПХ: коэффициент распределения, объем элюирования, разность объемов выхода.

Набухание и отмучивание сефадекса. Заполнение колонки. Удаление из колонки хлорида натрия. Приготовление рабочего раствора белка (альбумин) и хлорида натрия. Введение рабочего раствора в колонку. Элюирование и сбор фракций. Определение содержания белка во фракциях. Расчет баланса белка между исходным раствором и полученными фракциями. Определение содержания хлорида во фракциях. Определение внутреннего объема воды, объема выхода и коэффициента распределения для хлорида натрия. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 4. Электрофорез белка в полиакриламидном геле по Лэммли

Теория электрофореза. Виды электрофореза: с подвижной границей, зональный, непрерывный. Электрофорез на бумаге, гель-электрофорез. Типы используемых гелей: полиакриламидный и агарозный. Электрофорез в денатурирующих условиях – SDS-электрофорез. Физико-химические механизмы концентрирования белка при зональном электрофорезе. Использование электрофореза для разделения и идентификации белков. Подготовка к работе камеры для электрофореза и порядок работы с ней. Подключение камеры к блоку питания. Правила выбора значений напряжения (силы тока) при проведении электрофореза. Приготовление необходимых материалов и реактивов: акриламид, метиленбисакриламид, буферные растворы (электродный буфер, буфер для образцов и гелей), TEMED, персульфат калия, додецилсульфат натрия, красители (кумасси и бромфеноловый синий). Приготовление белковых образцов для электрофореза – маркерные и исследуемые белки. Заливка и полимеризация концентрирующего и разделяющего гелей. Нанесение образцов на гель. Заливка электродного буфера. Проведение электрофореза. Фиксация и окраска электрофореграммы. Отмывка геля и протоколирование результатов электрофореза. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 5. Поиск белков в банке данных и визуализация структуры молекулы с помощью прикладных программ

Идентификация организмов с помощью белковых последовательностей. Поиск белков в базе данных UniProtKB. Заполнение формы описания белка. Визуализация белковых молекул с помощью программы RasMol. Работа с PDB-файлом. Визуализация молекул с помощью программы ACD/ChemSketch. Изображение структуры аминокислот. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 6. Выравнивание последовательностей белков. Работа с библиографическими базами данных.

Понятие расстояния между последовательностями, счет выравнивания, алгоритм выравнивания. Виды выравнивания биополимеров. Область применения выравнивания

последовательностей. Выравнивание последовательностей с помощью программы BLAST. Алгоритм работы программы. Карта локального сходства. Поиск белка по его гомологу.

Поиск информации в библиографических базах данных. Работа с системами PubMed и elibrary. Работа с публикациями определенной направленности. Оформление отчета.

Раздел 2. Нуклеиновые кислоты

Лабораторная работа № 7. Выделение геномной ДНК из изолированных культур микроорганизмов

Работа с микропипетками, правила работы с биологическим материалом и техника безопасности. Работа с вортексом и центрифугой: порядок и правила работы, уравнивание пробирок.

Приготовление реагентов. Лизис клеточной суспензии. Денатурация белков и полисахаридов. Осаждение нуклеиновых кислот. Растворение нуклеиновых кислот. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 8. Выделение нуклеиновых кислот из смешанных микробных ассоциаций

Наборы для выделения ДНК или ДНК/РНК, для очистки ДНК или ПЦР-продуктов. Лизис клеточной суспензии и денатурация белков и полисахаридов. Экстракция белков и полисахаридов. Экстракция нуклеиновых кислот. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 9. Выделение плазмидной ДНК

Биологическая роль плазмид. Значение плазмид в биоинженерии и биотехнологии. Приготовление растворов. Лизис клеточной суспензии и денатурация белков. Удаление хромосомной ДНК. Осаждение плазмидной ДНК. Расщепление тРНК и остатков рибосомной РНК. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 10. Электрофорез нуклеиновых кислот в агарозном геле

Особенности электрофореза нуклеиновых кислот. Приготовление растворов и полимеризация геля. Подготовка и нанесение образцов. Маркеры молекулярного веса. Визуализация результатов электрофоретического разделения нуклеиновых кислот. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 11. Ручная корректировка файла с хроматограммой и последовательностью в программе BioEdit

Идентификация организмов по нуклеотидным последовательностям. Коррекция нуклеотидной последовательности, замена вырожденных букв и N. Сборка последовательности из двух и более фрагментов. Использование опций программы BioEdit. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 12. Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей.

Сравнительный анализ заданной последовательности с помощью пакета программ FASTA. Сравнительный анализ заданной последовательности с помощью пакета программ BLAST. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 13. Выравнивание последовательностей в программе ClustalX.

Установка программного обеспечения. Работа с программой ClustalX. Выравнивание последовательностей. Построение филогенетических взаимоотношений с помощью программы ClustalX. Оформление отчета.

Лабораторная работа № 14. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей.

Практическое и теоретическое значение филогенетического анализа. Базы данных для извлечения информации о последовательностях: BLAST, ENA EMBL Prokaryota и ENA EMBL Environmental. Выравнивание последовательности в программе Mega. Проведение

филогенетического анализа. Параметры филогенетического анализа. Построение и корректировка филогенетического древа. Оформление отчета.

5.2 Разделы дисциплины и междисциплинарные связи с обеспечиваемыми (последующими) дисциплинами

№ п/п	Наименование обеспечиваемых (последующих) дисциплин	№ № разделов и тем данной дисциплины, необходимых для изучения обеспечиваемых (последующих) дисциплин (вписываются разработчиком)								
		1	4	6	12					
1.	Математические методы в экспериментальной биологии									
2.	Нанобиотехнологии	4	5	9	10					
3.	Основы геномики и протеомики	5	6	12	13	14				
4.	Основы биоинформатики	5	6	12	13	14				
5.	Основы биоинженерии	9	10	12	13					
6.	Практическая биоинформатика	4	5	6	8					

5.3. Разделы и темы дисциплин и виды занятий

№ п/п	Наименование раздела	Наименование темы	Виды занятий в часах					
			Лекц.	Практ. зан.	Сем.	Лаб. зан.	СРС	Всего
1.	Раздел 1. Белки	Количественное определение белка методом оптической спектроскопии	-	-	-	14	8	22
2.		Фракционирование белка методом дробного осаждения	-	-	-	14	8	22
3.		Обессоливание белка методом гель-фильтрации	-	-	-	14	8	22
4.		Электрофорез белка в полиакриламидном геле по Лэммли	-	-	-	16	10	26
5		Поиск белков в банке данных и визуализация структуры молекулы с помощью прикладных программ	-	-	-	14	8	22
6.		Выравнивание последовательностей белков. Работа с библиографическими базами данных.	-	-	-	14	8	22
207	Раздел 2. Нуклеиновые кислоты	Выделение геномной ДНК из изолированных культур микроорганизмов	-	-	-	14	8	22
8		Выделение нуклеиновых кислот из смешанных микробных ассоциаций	-	-	-	14	10	24
9		Выделение плазмидной ДНК	-	-	-	14	8	22

10		Электрофорез нуклеиновых кислот в агарозном геле	-	-	-	16	10	26
11		Ручная корректировка файла с хроматограммой и последовательностью в программе BioEdit	-	-	-	14	8	22
12		Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей	-	-	-	14	8	22
13		Выравнивание последовательностей в программе ClustalX	-	-	-	16	8	24
14		Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей	-	-	-	16	10	26

6. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/п	№ раздела и темы дисциплины (модуля)	Наименование семинаров, практических и лабораторных работ	Трудоемкость (часы)	Оценочные средства	Формируемые компетенции
1	2	3	4	5	6
1.	Раздел 1. Белки	Количественное определение белка методом оптической спектроскопии	10	Контрольные вопросы и задания, защита отчета	ПК-1; ПК-2; СПК-1; СПК-2; СПК-3; СПК-4; СПК-5
2.		Фракционирование белка методом дробного осаждения	10	- « -	- « -
3.		Обессоливание белка методом гель-фильтрации	10	- « -	- « -
4.		Электрофорез белка в полиакриламидном геле по Лэммли	10	- « -	- « -
5.		Поиск белков в банке данных и визуализация структуры молекулы с помощью прикладных программ	12	- « -	- « -
6.		Выравнивание последовательностей белков. Работа с библиографическими базами данных.	12	- « -	- « -
7.	Раздел 2. Нуклеиновые кислоты	Выделение геномной ДНК из изолированных культур микроорганизмов	10	- « -	- « -
8.		Выделение нуклеиновых кислот из смешанных микробных ассоциаций	10	- « -	- « -
9.		Выделение плазмидной ДНК	10	- « -	- « -
10.		Электрофорез нуклеиновых кислот в агарозном геле	12	- « -	- « -
11.		Ручная корректировка файла с хроматограммой и последовательностью в программе BioEdit	12	- « -	- « -

12.		Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей	12	- « -	- « -
13.		Выравнивание последовательностей в программе ClustalX	12	- « -	- « -
14.		Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей	12	- « -	- « -

6.1. План самостоятельной работы студентов

№ нед.	Тема	Вид самостоятельной работы	Задание	Рекомендуемая литература	Количество часов
1-3	Количественное определение белка методом оптической спектроскопии	Подготовка к устному опросу; Написание и оформление отчета	Контрольные вопросы по теме работы; подготовка отчета	1, 2	8
3-5	Фракционирование белка методом дробного осаждения	- « -	- « -	- « -	8
5-7	Обессоливание белка методом гель-фильтрации	- « -	- « -	- « -	8
7-9	Электрофорез белка в полиакриламидном геле по Лэмбли	- « -	- « -	- « -	10
10-12	Поиск белков в банке данных и визуализация структуры молекулы с помощью прикладных программ	- « -	- « -	- « -	8
13-15	Выравнивание последовательностей белков. Работа с библиографическими базами данных.	- « -	- « -	- « -	8
1-2	Выделение геномной ДНК из изолированных культур микроорганизмов	- « -	- « -	- « -	8
3-4	Выделение нуклеиновых кислот из смешанных микробных ассоциаций	- « -	- « -	- « -	10
5-6	Выделение плазмидной ДНК	- « -	- « -	- « -	8
7-8	Электрофорез нуклеиновых кислот в агарозном геле	- « -	- « -	- « -	10
9-10	Ручная корректировка файла с хроматограммой и	- « -	- « -	- « -	8

	последовательностью в программе BioEdit				
11-12	Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей	- « -	- « -	- « -	8
13-15	Выравнивание последовательностей в программе ClustalX	- « -	- « -	- « -	8
16-18	Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей	- « -	- « -	- « -	10

6.2. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов

Самостоятельная работа студента преследует следующие цели:

- совершенствование навыков самообразовательной работы как основного пути повышения уровня образования;
- углубление и расширение знаний по предмету.

По дисциплине «Большой практикум по физико-химической биологии и биотехнологии» предлагаются следующие формы самостоятельной работы:

- а) Углубленный анализ научно-методической литературы и изучение учебного материала, предусмотренного рабочей программой;
- б) подготовка к устному опросу по контрольным заданиям и вопросам;
- в) написание и оформление отчетов.

Содержание и форма отчета по лабораторной работе

Отчет по лабораторной работе должен включать следующие разделы:

1. НАЗВАНИЕ РАБОТЫ
2. ЦЕЛЬ И ЗАДАЧИ РАБОТЫ
3. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В данном разделе приводятся перечень использованных в работе реактивов, приборов, оборудования и материалов; программного обеспечения, описание методик. Не следует включать материалы, не использованные в работе.

4. РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В данном разделе приводятся особенности проведения работы, в том числе отклонения от общепринятых методик, обусловленные ошибками в постановке, погрешностями при приготовлении растворов, реактивов и т.д., приводятся калибровочные графики и расчеты. Дается описание и обсуждение результатов работы.

5. ВЫВОДЫ

ПОДПИСЬ, ДАТА

7. Примерная тематика курсовых работ (проектов) (при наличии)

Не предусмотрено учебным планом.

8. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины:

а) основная литература

1. Белькова Н.Л. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / Н. Л. Белькова. - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - ISBN 978-5-9624-0956-6. Ч. 2 : Нуклеиновые кислоты. - 2014. - 155 с. - ISBN 978-5-9624-1184-2 (39 экз.)

2. Приставка А. А. Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике [Текст] : учеб.-метод. пособие : в 3 ч. / А. А. Приставка, В. П. Саловарова - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - Ч. 1 : Белки. - 2013. - 121 с. - ISBN 978-5-9624-0962-7 (69 экз.)

б) дополнительная литература

1. Игнасимуту С. Основы биоинформатики / С. Игнасимуту ; пер. с англ. А. А. Чумичкин. - Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика : Ин-т компьютер. исслед., 2007. - 316 с. - ISBN 978-5-93972-620-7 (1 экз.)
2. Каменская М.А. Информационная биология / М.А. Каменская. – М.: Академия, 2006. – 361 с. - - ISBN 5-7695-2580-0 (8 экз.)
3. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядаса. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - ISBN 978-5-94774-501-6 (8 экз.)
4. Математические методы для анализа последовательностей ДНК. / Под ред. М.С. Уотермена, перевод с англ. – М.: Мир, 1999. – 349 с. - ISBN 5030025200 (1 экз.)
5. Структура и функционирование белков: применение методов биоинформатики / пер. с англ.: В. Н. Новоселецкий, Е. Д. Балицкая, Т. В. Наumenкова ; ред. В. Н. Новоселецкий. - М. : УРСС : Ленанд, 2014. - 414 с. - ISBN 978-5-9710-0842-2. - ISBN 978-5-453-00057-9 (1 экз.)
6. Физико-химические методы в биологии [Текст] / В. П. Саловарова [и др.] ; ред. В. П. Саловарова - Иркутск : Изд-во ИГУ, 2013. - 295 с. - ISBN 978-5-9624-0806-4 (70 экз.)

в) программное обеспечение

1. DreamSpark Premium Electronic Software Delivery (3 years) Renewal (Windows 10 Education 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Windows 7 Professional with Service Pack 1 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Windows Server 2008 Enterprise and Standard without Hyper-V with SP2 32/64-bit (English) - Microsoft Imagine, Access 2016 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine, Access 2010 32/64-bit (Russian) - Microsoft Imagine). Договор №03-016-14 от 30.10.2014г.
2. Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition. 250-499. Форум Контракт №04-114-16 от 14ноября 2016г KES. Счет №РСЦЗ-000147 и АКТ от 23ноября 2016г Лиц.№1B08161103014721370444.
3. Microsoft Office Enterprise 2007 Russian Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 43364238.
4. Microsoft Windows XP Professional Russian Upgrade Academic OPEN No Level. Номер Лицензии Microsoft 41059241.
5. Office 365 профессиональный плюс для учащихся. Номер заказа: 36dde53d-7cdb-4cad-a87f-29b2a19c463e.
6. Пакет прикладных программ FASTA
7. Пакет прикладных программ BLAST
8. Пакет прикладных программ ClustalX
9. Пакет прикладных программ Mega
10. Программа BioEdit
11. Программа RasMol
12. Программа ACD ChemSketch

г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

1. <http://dmb.biophys.msu.ru> - Информационная система «Динамические модели в биологии», рассчитанная на широкий круг пользователей, включает в себя гипертекстовые документы и реляционные базы данных и обеспечивает

унифицированный доступ к разнообразной информации по данной предметной области.

2. <http://elibrary.ru/defaultx.asp> - Научная электронная библиотека, крупнейший российский информационный портал в области науки, технологии, медицины и образования, содержащий рефераты и полные тексты более 12 млн научных статей и публикаций.
3. <http://www.biengi.ac.ru/analyz.htm> - Биоинформатика в Центре «Биоинженерия» РАН
4. <http://www.bioinformatix.ru/> - Биоинформатика, геномика, протеомика, биософт, имэйджинг — портал по биоинформатике, имейджингу и биософту.
5. <http://www.ebi.ac.uk/> - база данных EMBL EBI (European Bioinformatics Institute).
6. <http://www.iscb.org/> - Международное сообщество вычислительной биологии.
7. <http://www.matbio.org/> - электронный журнал «Математическая биология и биоинформатика».
8. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт NCBI (National Center Biotech Information)
9. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast> - программа выравнивания последовательностей BLAST (Basic Local Alignment Sequence Tool)
10. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/GenbankSearch.html> - база данных GenBank
11. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> - библиографическая база данных PUBMED
12. <http://www.protein.bio.msu.ru/biokhimiya/index.htm> - Интернет версия международного журнала по биохимии и биохимическим аспектам молекулярной биологии, биоорганической химии, микробиологии, иммунологии, физиологии и биоинформатике. Статьи в pdf-формате.
13. <http://www.rcsb.org/pdb/> - база данных по белкам PDB (Protein 3D Structure database)
14. <http://www.rusbiotech.ru/> - Российские биотехнологии и Биоинформатика
15. molbiol.ru - российский сервер с большим количеством справочной информации по биоинформатике на русском языке.
16. ЭБС «Издательство Лань». Адрес доступа <http://e.lanbook.com/>
17. ЭБС «Руконт».. Адрес доступа <http://rucont.ru/>
18. ЭБС «Айбукс». Адрес доступа <http://ibooks.ru>
19. ЭБС «Юрайт». Адрес доступа: <http://biblio-online.ru/>

9. Материально-техническое обеспечение дисциплины:

Материально-техническое обеспечение дисциплины «Большой практикум по физико-химической биологии и биотехнологии» базируется на следующих ресурсах:

- Аудитория для проведения занятий лабораторного типа. Аудитория оборудована: *специализированной (учебной) мебелью* на 12 посадочных мест; оборудована *техническими средствами обучения*: Проектор Epson EB-X03, Экран ScreenMedia, Доска аудиторная меловая, магнитная, Лаборатория орган химии - Шкаф вытяжной АФ-221" - 2 шт., Химический шкаф (стеллаж) - 1 шт., Лабораторный стол с выкатными тумбами – 5 шт., Холодильник «Минск» - 2шт., Аппарат для вертикального электрофореза – 1 шт., Вакуумный испаритель РВО-64 – 1 шт., Вольметр ВУ-15 – 1 шт., Дезинтегратор УД-20 – 1 шт., Измеритель ионных сопротивлений (импеданса) - 1 шт., Источник питания для электрофореза "Эльф" – 1 шт., Осциллограф универсальный двухлучевой С-55 – 1 шт., Термостат ТС-80 – 1 шт., Центрифуга К-24 – 1 шт., Центрифуга МПВ-310 – 1 шт., служащими для представления учебной информации большой аудитории по дисциплине «Большой практикум по физико-химической биологии и биотехнологии».

- Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы. Аудитория оборудована: *специализированной (учебной)*

мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: Системный блок PentiumG850, Монитор BenQ G252HDA-1 шт.; Системный блок Athlon 2 X2 250, Монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; Системный блок PentiumD 3.0GHz, Монитор Samsung 740N – 3 шт.; Моноблок IRU T2105P – 2 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ G955 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung T190N – 1 шт.; Системный блок Pentium G3250, Монитор Samsung 740N – 1 шт.; Проектор BenQ MX503; экран ScreenVidiaEcot. С неограниченным доступом к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации.

- Помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Аудитория оборудована: специализированной мебелью на 8 посадочных мест; Вытяжной шкаф – 1шт., Ламинатный шкаф – 2 шт., Термостат ТС-80 – 2 шт., Лабораторный стол металлический – 3 шт., Лабораторный стол с резиновой поверхностью – 2 шт., Холодильник «Атлант» – 1шт. Микроскоп монокулярный – 8 шт, Микроскоп "Биолам"-1 шт., Стерилизатор паровой ВК-75 ПТ "ТЗМОИ" – 1шт., Пипетка автоматическая Ленпипет 0,5-10 м"-1 шт., Пипетка-дозатор"-1 шт., Микроскоп Levenhuk D870T тринокуляр"-1 шт., Проектор Оверхед"-1 шт., Проектор View Sonic"-1 шт., Проектор View Sonic"-1 шт., Ноутбук Lenovo"-2 шт. , Принтер Brother -1 шт., Принтер Canon -1 шт.

10. Образовательные технологии:

При реализации различных видов учебной работы дисциплины используются как стандартные методы обучения, так и интерактивные формы проведения занятий, доля которых составляет не менее 25 % аудиторных занятий. Лекционные занятия по дисциплине учебным планом не предусмотрены.

Стандартные методы обучения:

- Лабораторные занятия, предназначенные для практического освоения студентами теоретических и практических методов биоинженерии и биоинформатики;
- Самостоятельная работа студентов;
- Консультации преподавателя;
- Подготовка ответов на контрольные вопросы и задания;
- Написание и оформление отчетов

Обучения с применением интерактивных форм образовательных технологий:

- кейс-метод – обучение в контексте моделируемой ситуации, воспроизводящей реальные условия научной деятельности (разбор конкретных ситуаций);
- информационно-коммуникационные образовательные технологии – представление результатов деятельности (отчетов по лабораторным работам) с использованием специализированных программных сред.

Активное обучение студентов по данной дисциплине обеспечивается диалоговым взаимодействием преподавателя и студентов с целью формирования умения применять на практике методы биоинженерии и биоинформатики.

В рамках учебного курса предусмотрены мастер-классы специалистов Лимнологического института СО РАН, НИИ эпидемиологии и микробиологии ВСНЦ СО РАМН, Сибирского института физиологии и биохимии растений СО РАН, НИИ биологии при ИГУ, Института педиатрии СО РАМН, Научного центра реконструктивной и восстановительной хирургии ВСНЦ СО РАМН и других научных подразделений.

Все разделы дисциплины обеспечены контрольными материалами для текущей и промежуточной аттестации, которые представлены в электронно-образовательной среде Educa. Предусмотрена возможность проводить консультации с использованием on-line видеоконференций (на платформах Zoom, BigBlueButton).

11. Оценочные средства (ОС):

11.1. Оценочные средства для входного контроля

Тестовые задания для входного контроля

1. Белковые аминокислоты в водном растворе при значениях pH, близких к нейтральным, содержат: а) ионизированную аминогруппу; б) протонированную карбоксильную группу; в) протонированную аминогруппу; г) ионизированную карбоксильную группу
2. На основе полярности R- групп аминокислоты разделяют на: а) кислые; б) полярные; в) основные; г) неполярные
3. Серосодержащими аминокислотами являются: а) треонин; б) триптофан; в) тирозин; г) цистеин
4. Пептидная связь в белках является: а) одинарной; б) двойной; в) частично одинарной и частично двойной; г) тройной
5. Свойства, характерные для мономерных белков, проявляются при формировании: а) полипептидной цепочки; б) вторичной ступени организации; в) третичной ступени организации; г) четвертичной ступени организации
6. В ядрах клеток эукариот присутствуют главным образом: а) протамины; б) альбумины; в) гистоны; г) глобулины
7. Какие связи образуют α -спираль во вторичной структуре белка? а) Вандер-Ваальса; б) гидрофобные; в) пептидные; г) водородные
8. В состав РНК входит углевод: а) глюкоза; б) рибоза; в) дезоксирибоза; г) фруктоза
9. Из пуриновых оснований в нуклеиновых кислотах обнаружены: а) аденин; б) Тимин; в) урацил; г) цитозин
10. К нуклеиновым кислотам относятся: а) серин; б) ДНК; в) гистидин; г) РНК
11. Псевдоуридин находится в молекуле: а) тРНК; б) мРНК; в) рРНК; г) и РНК
12. Первичная структура ДНК представлена: а) двойной спиралью (дуплекс); б) нуклеосомы - фибриллы - петли (домены); в) мононуклеотиды, связанные фосфодиэфирными связями в непрерывную цепь полинуклеотида; г) дезоксирибозой
13. Если одна цепь ДНК содержит фрагмент Г-Ц-Ц-А-А-Т-Г-Ц-А-Ц, то вторая цепь: а) А-А-Ц-А-Т-Т-Г-Г-Т-Г; б) Ц-Т-Г-Т-А-А-Т-А-Т-Г; в) Ц-Ц-А-А-Т-Г-А-Т-Г-Т; г) Ц-Г-Г-Т-Т-А-Ц-Г-Т-Г
14. Если содержание остатков тимина (от общего числа остатков) ДНК составляет 20%, то содержание гуанина составит: а) 40%; б) 35%; в) 25%; г) 30%
15. Выберите все, что характерно для РНК (1) и для ДНК (2): а) молекулярная масса млн дальтон и выше; б) одноцепочечная; в) двуцепочечная; г) небольшая молекулярная масса; д) содержит урацил; е) содержит Тимин; ж) содержит рибозу; з) содержит дезоксирибозу
16. Структурная единица нуклеиновой кислоты является: а) мононуклеотид; б) аминокислота; в) нуклеозид; г) пуриновое или пиримидиновое основание.
17. Укажите для процесса репликации матрицу: а) тРНК; б) ДНК; в) мРНК; г) рРНК
18. Вырожденный генетический код это: а) Неперекрывающийся код; б) Кодирование одной аминокислоты двумя и более триплетами; в) Кодирование одной аминокислоты одним триплетом; г) Кодирование двух разных белков одной и той же последовательностью ДНК
19. Перекрывающийся код это: а) Некодирующие фрагменты ДНК; б) Кодирование одной аминокислоты двумя и более триплетами; в) Кодирование одной аминокислоты одним триплетом; г) Кодирование двух разных белков одной и той же последовательностью ДНК
20. Специфичность генетического кода состоит в: а) кодировании аминокислот более чем двумя различными триплетами; б) кодировании каждым триплетом только одной

- аминокислоты; в) наличии единого кода для всех живущих на земле существ; г) различии кода между эукариотами и прокариотами
21. Каталог (папка) – это: а) раздел файловой системы, содержащий имена файлов и каталогов и сведения о их размещении на носителе информации; б) команда операционной системы, обеспечивающая доступ к данным; в) группа файлов, объединенных общим именем; г) устройство для хранения группы файлов и организации доступа к ним; д) путь, по которому операционная система определяет место файла.
 22. Реляционная база данных может быть представлена в форме: а) гипертекста; б) алгоритма; в) иерархического каталога; г) таблицы
 23. За единицу измерения количества информации принят: а) 1 биткойн; б) 1 бит; в) 1 байт; г) 1 Кбайт
 24. Минимальным объектом, используемым в текстовом редакторе, является: а) слово; б) пиксел; в) абзац; г) символ
 25. Пространственное соответствие (дополнительность) азотистых оснований друг другу в молекулах нуклеиновых кислот осуществляется по принципу: а) кооперативности; б) комплементарности; в) копланарности; г) аддитивности
 26. Окончание полипептида, содержащее аминокгруппу, называется: а) С – конец; б) 3'-конец; в) N – конец; г) 5'-конец
 27. Что означает запись `ren *.txt *.doc`? а) переименовать файл с *.txt в файл *.doc; б) скопировать все файлы с расширением .txt в файлы с расширением .doc; в) переименовать все файлы с расширением .txt в файлы с расширением .doc; г) нет правильного ответа
 28. Что понимается под информацией в кибернетике: а) СУБД; б) автоматизированная обучающая система; в) любая совокупность сигналов, воздействий или сведений; г) килобайты
 29. К прикладному программному обеспечению относятся: а) новые языки программирования компиляторы к ним, интерфейсные системы; б) системы обработки текстов, электронные процессоры, базы данных; в) решение вопросов об анализе потоков информации в различных сложных системах; г) поисковые системы, глобальные системы хранения и поиска информации.
 30. Бит – это: а) состояние диода: открыт или закрыт; б) 8 байт; в) запись текста в двоичной системе; г) наименьшая возможная единица информации.

11.2. Оценочные средства текущего контроля формируются в соответствии с Положением о балльно-рейтинговой системе университета. Назначение оценочных средств ТК - выявить сформированность компетенций ПК 9 - 13.

Промежуточная аттестация протекает в форме зачета. К зачету допускаются студенты, выполнившие в полном объеме лабораторные работы и защитившие отчеты по ним. Студенты, имеющие задолженность, должны выполнить все обязательные виды деятельности, а затем сдают зачет по вопросам в виде собеседования.

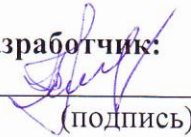
Контрольные вопросы для текущей аттестации по каждой теме представлены в основной литературе по дисциплине (Большой практикум по биоинженерии и биоинформатике: учебно-методическое пособие, в 2-х т.)

Примерный список вопросов к зачету

1. Методы количественного определения белков в растворе
2. Физические основы молекулярной спектрофотометрии
3. Методы фракционирования белков. Особенности фракционирования методом осаждения

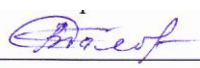
4. Методы обессоливания белков. Виды хроматографии, используемые для обессоливания белковых растворов
5. Электрофоретическое разделение белков. SDS-электрофорез – его особенности и преимущества.
6. Методы определения аминокислотной последовательности белка
7. Базы данных белковых последовательностей и структур.
8. Поиск белковых последовательностей в банках данных
9. Основные цели, задачи, виды и принципы выравнивания
10. Методы попарного выравнивания последовательностей. Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермана. Алгоритмы и возможности программы BLAST
11. Библиографические базы данных
12. Методы выделения НК из биологического материала и их очистки.
13. Количественное определение нуклеиновых кислот в растворе.
14. Особенности выделения неядерной ДНК из клетки.
15. Методы определения последовательности нуклеиновых кислот
16. Электрофоре нуклеиновых кислот – особенности метода
17. Методы корректировки результатов секвенирования последовательностей белков и нуклеиновых кислот
18. Выравнивание последовательностей в программе FASTA. Алгоритм выравнивания.
19. Множественное выравнивание. Алгоритмы и возможности программы ClustalX
20. Филогенетический анализ нуклеотидных и белковых последовательностей. Методы и алгоритмы построения филогенетических деревьев.

Разработчик:

 доцент Приставка А.А.
(подпись)

Программа рассмотрена на заседании кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

Протокол № 11 от 18 февраля 2020 г.

Зав.кафедрой  проф. Саловарова В.П.

Настоящая программа не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы.