

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«СТАВРОПОЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
ИНСТИТУТ ДОПОЛНИТЕЛЬНОГО ПРОФЕССИОНАЛЬНОГО ОБРАЗОВАНИЯ

Центр опережающей  
профессиональной подготовки

УТВЕРЖДАЮ:



Проректор по дополнительному  
образованию  
ФДПОУ ВО Ставропольский ГАУ,  
профессор

  
О.М. Лисова

« 8 » апреля 2026 г.

**Дополнительная профессиональная программа  
профессиональной переподготовки  
«Молекулярно-генетические и биоинформатические  
методы в селекции растений»**

с присвоением квалификации  
**Специалист молекулярно-генетической лаборатории**

г. Ставрополь, 2026 год

Дополнительная профессиональная программа профессиональной переподготовки **«Молекулярно-генетические и биоинформатические методы в селекции растений»** рассмотрена и утверждена учебно-методической комиссией Центра опережающей профессиональной подготовки (протокол № \_\_\_ от \_\_\_\_\_ 2026 г.).

Программа реализуется в рамках:

– Федеральный закон от 29 декабря 2012 г. № 273-ФЗ «Об образовании в Российской Федерации»;

– приказ Министерства образования и науки Российской Федерации от 24 марта 2025 г. № 266 «Об утверждении Порядка организации и осуществления образовательной деятельности по дополнительным профессиональным программам»;

– федеральный государственный образовательный стандарт высшего образования – бакалавриат по направлению подготовки 35.03.04 – Агронимия;

– требований профессионального стандарта «Специалист по семеноводству, селекции и генетике в растениеводстве», утвержденного приказом от «14» октября 2024 г. №563 н Министерства труда и социальной защиты Российской Федерации, трудовые функции D/6 - Выполнение молекулярно-генетического анализа биологического материала сельскохозяйственных растений.

## **1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОГРАММЫ**

### **1.1. Цель реализации программы**

Цель: формирование у слушателей профессиональных компетенций, необходимых для профессиональной деятельности в области селекции и семеноводства сельскохозяйственных растений с присвоением квалификации Специалист молекулярно-генетической лаборатории

### **1.2. Характеристика нового вида профессиональной деятельности, новой квалификации, трудовых функций.**

Вид профессиональной деятельности: селекция и семеноводство сельскохозяйственных растений

Квалификация: Специалист молекулярно-генетической лаборатории

Новая область профессиональной деятельности слушателя включает формирование навыков, умений, позволяющих выполнять молекулярно-генетический анализ биологического материала сельскохозяйственных растений, а именно:

– подготовка к выполнению молекулярно-генетического анализа растительного материала (трудовая функция указанного выше профессионального стандарта D/01.6);

– выполнение молекулярно-генетического анализа растительного материала (трудовая функция указанного выше профессионального стандарта D/02.6).

А) Область профессиональной деятельности – 13.017- Организация и выполнение работ по производству продукции растениеводства

Б) Объекты профессиональной деятельности – выполнение молекулярно-генетического анализа биологического материала сельскохозяйственных растений.

### 1.3 Требования к результатам освоения программы

В результате освоения программы слушатель сможет:

- выполнять процедуры выбора и верификации методик молекулярно-генетического анализа растительного материала;
- выполнять валидации методик молекулярно-генетического анализа растительного материала;
- готовить средства измерений, испытательного и вспомогательного оборудования к выполнению молекулярно-генетического анализа растительного материала;
- готовить реактивы и расходные материалы для выполнения молекулярно-генетического анализа растительного материала;
- создавать генетическое разнообразия растений с использованием молекулярных маркеров.

Таблица 1 - Планируемые результаты обучения

| Вид профессиональной деятельности                             | Квалификация   | Трудовые функции  | Перечень новых компетенций  | Знания  | Умения   |
|---|--|---|---|---|--|
| <p>Селекция и семеноводство сельскохозяйственных растений</p> | <p>Специалист молекулярно-генетической лаборатории</p> | <p>Подготовка к выполнению молекулярно-генетического анализа растительного материала D/01.6</p> | <p>Выполнение процедуры выбора и верификации методик молекулярно-генетического анализа растительного материала</p> <p>Подготовка средств измерений, испытательного и вспомогательного оборудования к выполнению молекулярно-генетического анализа растительного материала</p> <p>Подготовка реактивов и расходных материалов для выполнения молекулярно-генетического анализа растительного материала</p> | <p>Методики выполнения измерений, используемые при проведении молекулярно-генетической экспертизы сельскохозяйственных растений</p> <p>Принципы выбора методик молекулярно-генетического анализа растительного материала</p> <p>Порядок выполнения ежедневного технического обслуживания, оборудования, предусмотренного инструкциями по его эксплуатации</p> <p>Правила определения ресурсов, необходимых для реализации методик молекулярно-генетического анализа растительного материала</p> | <p>Проводить экспериментальную проверку возможности получения в лаборатории результатов молекулярно-генетических испытаний растительного материала с точностью, отвечающей требованиям методики (верификация)</p> <p>Выполнять ежедневное техническое обслуживание оборудования, используемого для молекулярно-генетического анализа растительного материала, предусмотренное инструкциями по эксплуатации оборудования</p> <p>Определять перечень и количество материалов, в том числе реактивов, посуды, необходимых для выполнения планируемого объема анализов</p> |



|  |   |   |
|--|---|---|
|  | <p>и правила эксплуатации данного оборудования</p> <p>Принцип и способы проведения ПЦР</p> <p>Порядок проведения ПЦР в соответствии с методикой анализа</p> <p>Принципы и способы учета результатов продуктов амплификации нуклеиновых кислот, полученных из растительного материала</p> <p>Алгоритмы учета результатов продуктов амплификации нуклеиновых кислот, полученных из растительного материала, различными способами</p> <p>Специальное оборудование, используемое для учета результатов продуктов амплификации нуклеиновых кислот, правила эксплуатации данного оборудования</p> | <p>Выполнять амплификацию нуклеиновых кислот, полученных из растительного материала, в соответствии с методикой анализа</p> <p>Пользоваться специальным оборудованием для проведения ПЦР в соответствии с инструкциями по эксплуатации данного оборудования</p> <p>Проводить учет продуктов амплификации нуклеиновых кислот, полученных из растительного материала, с использованием оборудования с детекцией в режиме реального времени</p> <p>Проводить учет продуктов амплификации нуклеиновых кислот, полученных из растительного материала, методом электрофореза</p> <p>Пользоваться специальным оборудованием при учете продуктов амплификации нуклеиновых кислот,</p> |
|--|---|---|

|  |  |  |  | Требования охраны труда в объеме, необходимом для выполнения трудовых обязанностей | полученных из растительного материала, в соответствии с инструкциями по эксплуатации оборудования |
|--|--|--|--|--|---|
|--|--|--|--|--|---|

#### 1.4. Требования к уровню подготовки поступающего на обучение, необходимому для освоения программы

Лица, желающие освоить дополнительную профессиональную программу, должны иметь (получать) высшее образование в области естественных наук.

Программа ориентирована на специалистов сферы АПК; специалистов по контролю качества биотехнологического производства препаратов для растениеводства; научных сотрудников сферы АПК; преподавателей сферы АПК

Наличие указанного образования должно подтверждаться документом установленного образца.

#### 1.5 Трудоемкость обучения (час)

|  |            |
|--|------------|
| Аудиторные занятия,<br>в том числе:                              |            |
| Лекции   | 39         |
| Лабораторные занятия   |            |
| Практические занятия, семинары (выездные занятия и др.)          | 96         |
| Практическое обучение (производственная практика,<br>стажировка) |            |
| Дистанционные занятия,<br>в том числе:                           |            |
| Лекции   | 27         |
| Лабораторные занятия   |            |
| Практические занятия, семинары                                   |            |
| Самостоятельная работа   | 84         |
| Промежуточная аттестация   |            |
| Итоговая аттестация  | 6          |
| <b>ВСЕГО:</b>  | <b>252</b> |

#### 1.6 Форма обучения

Форма обучения – очно-заочная (с применением дистанционных образовательных технологий).

#### 1.7 Режим занятий

Рабочая неделя: понедельник-пятница

Выходные дни: суббота, воскресенье

Занятия проводятся 4 раза в неделю по 6 часов.

Календарный период обучения - по мере комплектования группы.

Продолжительность академического часа - 45 мин.

Максимальный объем нагрузки (1 день) - 8 академических часов

Продолжительность перерыва между академическими часами - 5 мин.

## 2. СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ

### 2.1. Учебный план

дополнительной профессиональной программы профессиональной переподготовки

## «Молекулярно-генетические и биоинформатические методы в селекции растений»

с присвоением квалификации

### Специалист молекулярно-генетической лаборатории

| №  | Наименование дисциплин            | Трудоемкость, час. | Аудиторные занятия |              |                                | Практическое обучение (производственная практика, стажировка) | Дистанционные занятия |              |                                | СРС       | Текущий контроль* |        | Промежуточная / Итоговая аттестация      |
|----|-----------------------------------|--------------------|--------------------|--------------|--------------------------------|---|-----------------------|--------------|--------------------------------|-----------|-------------------|--------|--|
|    |                                   |                    | лекции             | лабораторные | практические занятия, семинары |   | лекции                | лабораторные | практические занятия, семинары |           | РК, РГР, Реф.     | КР, КП |  |
| 1. | Введение в молекулярную биологию. | 116                | 15                 |              | 48                             |   |                       | 15           |                                | 38        |                   |        | Защита практической работы               |
| 2. | Геномика и маркирование генома.   | 82                 | 12                 |              | 32                             |   | 12                    |              |                                | 26        |                   |        | Защита практической работы               |
| 3. | Биоинформатический анализ.        | 48                 | 12                 |              | 16                             |   |                       |              |                                | 20        |                   |        | Защита практической работы               |
|    | Итоговая аттестация               | 6                  |                    |              |                                |   |                       |              |                                |           |                   |        | Итоговый экзамен (итоговое тестирование) |
|    | <b>Всего:</b>                     | <b>252</b>         | <b>39</b>          |              | <b>96</b>                      |   | <b>27</b>             |              |                                | <b>84</b> |                   |        |  |

\* РК - курсовой проект, КР - курсовая работа, РК - контрольная работа, РГР - расчетно-графическая работа, Реф. - реферат

## 2.2. Учебно-тематический план

дополнительной профессиональной программы профессиональной переподготовки  
**«Молекулярно-генетические и биоинформатические методы в селекции растений»**  
 с присвоением квалификации

### Специалист молекулярно-генетической лаборатории

| №    | Наименование разделов (модулей), тем дисциплин  | Трудоемкость, час. | Аудиторные занятия |              |                                | Практическое обучение (производственная практика, стажировка) | Дистанционные занятия |              |                                | СРС       | Текущий контроль* |        | Промежуточная / Итоговая аттестация |
|------|---|--------------------|--------------------|--------------|--------------------------------|---|-----------------------|--------------|--------------------------------|-----------|-------------------|--------|-------------------------------------|
|      |   |                    | лекции             | лабораторные | практические занятия, семинары |   | лекции                | лабораторные | практические занятия, семинары |           | РК, РГР, Реф.     | КР, КП |                                     |
|      | <b>Дисциплина</b><br><b>Молекулярная биология</b>   | <b>116</b>         | <b>15</b>          |              |                                |   | <b>15</b>             |              |                                | <b>38</b> |                   |        |                                     |
| 1.   | <b>Молекулярная биология</b><br><b>Методы экстракции ДНК</b>  |                    | 6                  | 8            | 48                             |   |                       |              |                                | 8         |                   |        | <b>Защита практической работы</b>   |
| 1.1. | Строение и функции нуклеиновых кислот и белков.<br>Подготовка образцов к выделению ДНК (гомогенизация с помощью пестика). Фенол-хлороформный метод выделения ДНК. |                    | 6                  | 8            | 8                              |   |                       |              |                                | 8         |                   |        |                                     |
| 1.2. | Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот. Ориджины репликации. Ферменты   |                    | 6                  | 8            | 8                              |   |                       |              |                                | 8         |                   |        |                                     |



| Геномика и маркирование генома.  | 82 | 12 | 32 | 12 |  |  |  | 26 | Защита практической работы |
|--|----|----|----|----|--|--|--|----|----------------------------|
| 2. Модуль 2. Геномика, как основа маркирования   |    | 6  | 8  |    |  |  |  | 6  |                            |
| 2.1. Строение геномов про-и эукариот. Геномная селекция. Выделение ДНК из агарозного геля. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез)   |    | 6  | 8  |    |  |  |  | 6  |                            |
| 2.2. Маркерная селекция. Типы последовательностей генома. Уникальные последовательности генома растений. Устранение проблем при постановке ПЦР и при анализе маркеров. Подготовка образцов к выделению ДНК (гомогенизация с помощью FastPrep-24). Выделение нуклеиновых кислот из фитопатогенов. |    | 6  | 8  |    |  |  |  | 6  |                            |
| 2.3. Генетическая паспортизация. Умеренно повторяющиеся последовательности. Молекулярные маркеры в зерновых культурах. Постановка ПЦР-real-time.   |    | 6  | 8  |    |  |  |  | 6  |                            |
| 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах. Постановка реакции ПЦР на устойчивость к заболеваниям.   |    | 6  | 8  |    |  |  |  | 8  |                            |



**2.3. Дисциплинарное содержание**  
дополнительной профессиональной программы профессиональной  
переподготовки  
**«Молекулярно-генетические и биоинформатические методы**  
**в селекции растений»**  
с присвоением квалификации  
**Специалист молекулярно-генетической лаборатории**

**Молекулярная биология**

**МОДУЛЬ 1. Молекулярная биология**  
**Методы экстракции ДНК (116 часов)**

**Тема 1.1. Строение и функции нуклеиновых кислот и белков (3 часа).**

1. Обзор роли нуклеиновых кислот и белков как основных биополимеров.
2. Краткое сравнение их мономеров и функций в клетке.
3. Нуклеиновые кислоты: мономеры ДНК и РНК.
4. Структура ДНК и РНК (вторичная и третичная структуры ДНК (двойная спираль) и РНК (одноцепочечная)).

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 1.1. Строение и функции нуклеиновых кислот и белков**

**Подготовка образцов к выделению ДНК (гомогенизация с помощью пестика). Фенол-хлороформный метод выделения ДНК (8 часов).**

1. Подготовка образцов к гомогенизации.
2. Гомогенизация образцов с помощью пестика.
3. Фенол-хлороформный метод выделения ДНК.

**Перечень дистанционных занятий**

**Тема 1.1. Строение и функции нуклеиновых кислот и белков (3 часа).**

1. Белки: мономеры и уровни организации.
2. Факторы стабилизации: водородные, гидрофобные взаимодействия, дисульфидные мостики.

**Тема 1.2. Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот (3 часа).**

1. Ориджин репликации.
2. Ферменты репликации.
3. Хроматин-ремоделирующий комплекс.

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 1.2. Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот.**

**Подготовка образцов к выделению ДНК (гомогенизация с помощью гомогенизатора FastPrep 24). Выделение ДНК на спин-колонках (8 часов).**

1. Подготовка образцов к гомогенизации.
2. Гомогенизация образцов с помощью с помощью гомогенизатора FastPrep 24.
3. Выделение ДНК на спин-колонках.

### **Перечень дистанционных занятий**

**Тема 1.2. Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот. (3 часа).**

1. Репарация ДНК.
2. Пост-репликационная репарация ДНК.

**Тема 1.3. Строение генов про-и эукариот. Механизмы транскрипции (3 часа).**

1. Роль генов как функциональных единиц наследственности.
2. Строение генов прокариот.
3. Строение генов эукариот. Регуляторные элементы: промотор (TATA-box), энхансеры, сайленсеры.

### **Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 1.3. Строение генов про-и эукариот. Механизмы транскрипции. Подготовка образцов к выделению ДНК (гомогенизация с помощью FastPrep). Выделение ДНК на магнитных частицах (8 часов).**

1. Подготовка образцов к гомогенизации.
2. Гомогенизация образцов с помощью с помощью гомогенизатора FastPrep 24.
3. Выделение ДНК на магнитных частицах.

### **Перечень дистанционных занятий**

**Тема 1.3. Строение генов про-и эукариот. Механизмы транскрипции (3 часа).**

1. Механизмы транскрипции: прокариоты.
2. Механизмы транскрипции: эукариоты.
3. Регуляция транскрипции.

**Тема 1.4. Трансляция (3 часа).**

1. Трансляция как реализация генетической информации.
2. Генетический код: триплетность универсальность, вырожденность, стоп-кодоны.
3. Этапы трансляции: инициация, элонгация, терминация.

## **Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

### **Тема 1.4. Трансляция.**

**Измерение чистоты и концентрации ДНК с помощью спектрофотометра. Измерение концентрации ДНК с помощью флуориметра. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез) (8 часов).**

1. Измерение чистоты и концентрации ДНК с помощью спектрофотометра. Анализ данных.
2. Измерение концентрации ДНК с помощью флуориметра (приготовление стандартов, калибровка прибора).
3. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез) (приготовление агарозы, буферных растворов, загрузочного буфера).

## **Перечень дистанционных занятий**

### **Тема 1.4. Трансляция (3 часа).**

1. Регуляция трансляции.
2. Связь с транскрипцией: кополимерность у прокариот; у эукариот - посттранскрипционная модификация мРНК (экспорт из ядра)

### **Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети (3 часа).**

1. Генная сеть как система координированно регулируемых генов, обеспечивающих выполнение определённой функции организма.
2. Молекулярные механизмы генной регуляции. Основные уровни регуляции: транскрипция, посттранскрипционная, трансляция, посттрансляционная.
3. Роль промоторов, энхансеров, транскрипционных факторов, взаимодействующих с ДНК и РНК-полимеразой.
4. Понятие «генная сеть». Определение генной сети как ансамбля координированно функционирующих генов и регуляторных элементов.

## **Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

### **Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети.**

**Выделение ДНК из агарозного геля. Измерение концентрации ДНК с помощью флуориметра (8 часов).**

1. Измерение чистоты и концентрации ДНК с помощью спектрофотометра. Анализ данных.
2. Измерение концентрации ДНК с помощью флуориметра (приготовление стандартов, калибровка прибора).
3. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез) (приготовление агарозы, буферных растворов, загрузочного буфера).

### **Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети.**

**Рестрикционный анализ. Гель-электрофорез (8 часов).**

1. Подготовка реагентов для рестрикционного анализа

2. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез) (приготовление агарозы, буферных растворов, загрузочного буфера).
3. Интерпретация данных в гель-документирующей системе.

### Перечень дистанционных занятий

#### Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети (3 часа).

1. Связь генных сетей с фенотипом.
2. Методы исследования генных сетей

### Перечень тем для самостоятельной работы слушателей

| Номер темы | Наименование тем самостоятельных занятий  |
|------------|---|
| Тема 1.1.  | Функции нуклеиновых кислот: хранение и передача генетической информации.  |
| Тема 1.2.  | Теломеры и теломераза.  |
| Тема 1.3.  | Виды геномов. Прокариоты: репрессоры/активаторы оперона (лак-оперон). Эукариоты: транскрипционные факторы, эпигенетика (метилирование, ацетилирование). |
| Тема 1.4.  | Рибосома как ключевая органелла трансляции. Различия: 70S у прокариот, 80S у эукариот. Химический состав. Функциональные центры.                        |
| Тема 1.5.  | Типы генных сетей и их функции. Принципы организации и динамики генных сетей.   |

### Дисциплина Геномика и маркирование генома

#### МОДУЛЬ 2. Геномика, как основа маркирования (82 часа)

##### Тема 2.1. Строение геномов про-и эукариот. Геномная селекция (3 часа).

1. Определение генома и его роли в наследственности и селекции.
2. Значение сравнения геномов про- и эукариот для понимания эволюции и прикладной генетики.
3. Связь геномных исследований с современными методами селекции (маркерная и геномная селекция).
4. Строение генома прокариот.
5. Строение генома эукариот.
6. Молекулярные маркеры: понятие и классификация. Основные типы маркеров: RFLP, AFLP, SSR (микросателлиты), SNP, ISSR, SCAR и др.

### Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары

#### Тема 2.1. Строение геномов про-и эукариот. Геномная селекция (3 часа).

**Выделение ДНК из агарозного геля. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез) (8 часов).**

1. Выделение ДНК из агарозного геля.
3. Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот (гель-электрофорез) (приготовление агарозы, буферных растворов, загрузочного буфера).

**Перечень дистанционных занятий**

**Тема 2.1. Геномная селекция (3 часа).**

1. Маркеры структурных генов и нейтральные маркеры.
2. Критерии выбора маркера (полиморфизм, воспроизводимость, стоимость, привязка к генам).
3. Применение молекулярных маркеров в селекции растений.
4. Маркерная селекция. Достоинства и ограничения маркерной селекции (ускорение отбора, сложность ассоциаций, зависимость от карты).

**Тема 2.2. Маркерная селекция. Типы последовательностей генома.**

**Уникальные последовательности генома растений. Устранение проблем при постановке ПЦР и при анализе маркеров. (3 часа).**

1. Место геномных последовательностей в современной молекулярной селекции и молекулярной фитопатологии.
2. Связь типа последовательности (повторяющаяся/уникальная) с выбором маркера и разработкой ПЦР-тест-систем.
3. Основные типы последовательностей генома растений.

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 2.2. Маркерная селекция. Типы последовательностей генома. Уникальные последовательности генома растений. Устранение проблем при постановке ПЦР и при анализе маркеров.**

**Подготовка образцов к выделению ДНК (гомогенизация с помощью FastPrep 24). Выделение нуклеиновых кислот из фитопатогенов (8 часов).**

1. Подготовка образцов к выделению ДНК.
2. Гомогенизация с помощью FastPrep 24 (режим гомогенизации)
3. Выделение нуклеиновых кислот из фитопатогенов
4. Измерение концентрации и чистоты на спектрофотометре.

**Перечень дистанционных занятий**

**Тема 2.2. Маркерная селекция (3 часа).**

1. Определение маркерной селекции (Marker-Assisted Selection, MAS).  
Цели и задачи изучения маркерной селекции.
2. Краткий исторический обзор развития метода.
3. Актуальность и значимость маркерной селекции в современном сельском хозяйстве и биотехнологиях.

4. Типы молекулярных маркеров:
5. Принципы наследования маркеров вместе с целевыми признаками.
6. Локусы количественных признаков (QTL - Quantitative Trait Loci) и их роль в маркерной селекции.
7. Этапы проведения маркерной селекции.
8. Применение маркерной селекции:
  - ускорение селекции на устойчивость к болезням и вредителям,
  - селекция на засухоустойчивость, морозостойкость, солеустойчивость,
  - улучшение качества урожая (содержание белка, масла, крахмала и т. д.),
  - создание генетических паспортов сортов и контроль сортовой чистоты.

**Тема 2.3. Генетическая паспортизация. Умеренно повторяющиеся последовательности. Молекулярные маркеры в зерновых культурах (3 часа).**

1. Значение повторяющихся элементов генома для организации генома и разработки молекулярных маркёров.
2. Связь исследования повторов с эффективностью маркер-ассоциированной селекции у зерновых культур (пшеница, рожь, ячмень, кукуруза, рис и др.).
3. Умеренно повторяющиеся последовательности ДНК.
4. Структурные и функциональные особенности умеренных повторов.
5. Умеренно повторяющиеся последовательности как источник молекулярных маркёров.

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 2.3. Генетическая паспортизация. Умеренно повторяющиеся последовательности. Молекулярные маркеры в зерновых культурах. Обнаружение фитопатогенов с помощью ПЦР-real-time (8 часов).**

1. Подготовка образцов к выделению ДНК.
2. Гомогенизация с помощью FastPrep 24 (режим гомогенизации)
3. Выделение нуклеиновых кислот из фитопатогенов
4. Обнаружение фитопатогенов с помощью ПЦР-real-time.

**Перечень дистанционных занятий**

**Тема 2.3. Генетическая паспортизация. (3 часа).**

**Тема 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах (3 часа).**

1. Роль повторяющихся и высоко-повторяющихся последовательностей в организации генома и возникновении вариабельности.
2. Значение молекулярных маркёров для селекции овощных культур (томат, огурец, картофель, капуста, лук, морковь, свёкла и др.).
3. Высокоповторяющиеся последовательности генома.
4. Структура и функции высокоповторяющихся элементов.

5. Влияние высокоповторяющихся последовательностей на анализ ДНК и разработку маркёров

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах.**

**Постановка реакции ПЦР на устойчивость к заболеваниям (8 часов).**

1. Подготовка образцов к выделению ДНК.
2. Гомогенизация с помощью FastPrep 24 (режим гомогенизации).
3. Выделение нуклеиновых кислот из растительных образцов.
4. Постановка реакции ПЦР на устойчивость к заболеваниям.

**Перечень дистанционных занятий**

**Тема 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах (3 часа).**

1. Молекулярные маркеры в овощных культурах: основные типы маркёров: SSR, SNP, AFLP, RAPD, ISSR, SCAR, CAPS. Критерии выбора маркера для овощных культур.
2. Использование высокоповторяющихся последовательностей как маркёров.

**Перечень тем для самостоятельной работы слушателей**

| Номер темы | Наименование тем самостоятельных занятий  |
|------------|---|
| Тема 2.1.  | Геномная селекция. Определение геномной селекции как метода прогноза генетической ценности на основе многомерного анализа SNP-профиля. Сравнение маркерной и геномной селекции. |
| Тема 2.2.  | Типичные проблемы при постановке ПЦР и пути их устранения. Проблемы при анализе маркеров и их интерпретация.  |
| Тема 2.3.  | Интеграция маркёров в селекционный процесс зерновых культур.  |
| Тема 2.4.  | Интеграция маркёров в селекционный процесс овощных культур. Перспективы и современные подходы.  |

**Дисциплина**

**Биоинформатический анализ**

**МОДУЛЬ 3. Биоинформатический анализ (48 часа)**

**Тема 3.1. Биоинформатический анализ данных геномного анализа и молекулярного маркирования (3 часа).**

1. Основные типы данных: геномное секвенирование (WGS, WES), SNP-чипы, NGS-данные для маркёров (GBS, RAD-seq, amplicon-seq).
2. Основные этапы биоинформатического анализа геномных данных.
3. Базовые инструменты и форматы данных.

4. Биоинформатический анализ молекулярных маркёров.
5. Интеграция данных геномики и маркёров в селекционный процесс.
6. Проблемы и ограничения биоинформатического анализа. Перспективы и современные подходы.

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 3.1. Биоинформатический анализ в маркерной селекции (8 часов).**

1. Учёт повторяющихся и репетитивных последовательностей: использование инструментов типа RepeatMasker, RepeatModeler, Tandem Repeats Finder для анализа повторов.
2. Визуализация и интерпретация результатов.

**Тема 3.2. Основные программы по статистическому анализу молекулярных данных и их практическое применение (3 часа).**

1. Общие принципы статистического анализа молекулярных данных.
2. Основные универсальные статистические пакеты.
3. Программы и среды для генетико-статистического и биоинформатического анализа.
4. Специализированные генетико-статистические и геномные пакеты.

**Перечень практических (лабораторных) занятий, семинары**

**Тема 3.2. Основные программы по статистическому анализу молекулярных данных и их практическое применение (8 часов).**

1. Правила подборов праймеров. Виды праймеров.
2. Практическое применение в молекулярной фитопатологии и селекции
3. Визуализация результатов анализа

**Перечень тем для самостоятельной работы слушателей**

| <b>Номер темы</b> | <b>Наименование тем самостоятельных занятий</b>  |
|-------------------|--|
| Тема 3.1.         | Использование машинного обучения и AI для предсказания эффекта вариантов, а также оптимизации маркёр-ассоциированной селекции. |
| Тема 3.2.         | Ошибки и трудности при статистическом анализе молекулярных данных.   |

### 3. УСЛОВИЯ РЕАЛИЗАЦИИ ПРОГРАММЫ

#### 3.1. Организационно-педагогические условия

К проведению занятий по программе профессиональной переподготовки допускаются штатные преподаватели вуза (совместители внутренние и внешние) с соответствующей квалификацией преподаваемых дисциплин, а также преподаватели, привлеченные по договору возмездного оказания образовательных услуг физическим лицом, имеющих высшее образование и стаж работы не менее 5 лет в сфере преподаваемых дисциплин.

#### 3.2. Материально-технические условия реализации программы

Лекционные и практические занятия проходят на базе института аграрной генетики и селекции лаборатории молекулярно-генетических исследований и селекции растений

| Наименование специализированных аудиторий, кабинетов, лабораторий     | Вид занятий  | Наименование оборудования, программного обеспечения   |
|---|--------------|---|
| конференц-зал   | лекционное   | Проектор, персональный компьютер, доска   |
| лаборатория молекулярно-генетических исследований и селекции растений | практическое | Шкаф вытяжной общего назначения ЛАБ-PRO ШВ 150.84.230 TR, столешница TRESPA.<br>Бокс абактериальной воздушной среды (ПЦР-бокс) БАВ-ПЦР-"Ламинар-С".<br>ПЦР-бокс, ДНК –Технология.<br>Аквадистиллятор электрический Liston A 1104<br>Система высокой очистки воды I типа, 0,5 л/мин, Simplicity UV, Millipore, Merck<br>Холодильник фармацевтический, ТУ 9452-168-07503307-2004, ХФ 250-3, Pozis.<br>Морозильник медицинский ММШ-220, ТУ 9452-195-07503307-2008 Pozis.<br>Шкаф низкотемпературный MDF-8, 6V34 OE, кельвинатор, вертикальный, до -40-86°C, 340 л<br>Термостат твердотельный T1 KD 08, термоблок 28×0,5 мл + 40×1,5 мл, «Гном», ДНК-Технология<br>Микроволновая печь Samsung.<br>ДНК-амплификатор GeneExplorer GE-96G, BIOER, градиентный реакционный блок 96×0,2 мл<br>Центрифуга 15060 об/мин, 21300 g, 24x1,5/2 мл, ротор FA-24x2, 5420, Eppendorf<br>Автоматическая пипетка, набор 3 шт., 2-20 мкл, 20-200 мкл, 100-1000 мкл, Research plus, Eppendorf<br>Автоматическая пипетка 500-5000 мкл, Pipetman P5000L, Gilson в комплекте с электродом ЭЛИС-121 |

|  |  |
|--|--|
|  | <p>Автоматическая пипетка Research plus, 8-канал., 0,5-10 мкл, variable, серая, Eppendorf</p> <p>Автоматическая пипетка механ. 10-100 мкл, 8-канал., Research Plus, variable, yellow, Eppendorf</p> <p>Автоматическая пипетка Research plus перемен. объема, 0,5-10 мкл, Eppendorf</p> <p>Источник питания, 5-250 В, 10-3000 мА, 1-300 Вт, 4 выхода, PowerPac HC, Bio-Rad</p> <p>Электрофорезная горизонтальная камера, 170x120 см, 18 лунок, 1,5 мм, залив. столик, Helicon.</p> <p>Источник питания Эльф-4 (устройство для электрофореза НК в агарозных и акриламидных гелях УЭФ-01, ДНК-Технологии.</p> <p>Гель-документирующая система GenoSens 2150 Touch, White, Blue.</p> <p>Мешалка магнитная, объём по воде 15 л, платформа 160 мм, нагрев до 330 °С, 250-1250 об/мин, MSH-300, Bios</p> <p>Гомогенизатор лабораторный Bioprep-24 на 24 обр., Allsheng AS-13010-00</p> <p>Устройство секвенирования ДНК, Нанофор 05</p> <p>Спектрофотометр, EzDrop 1000, Blue-Ray.</p> <p>Амплификатор с детекцией в режиме реал. врем. LOCUS Intero 6</p> <p>Амплификатор ДТ-LITE 4, S-1, 481, ДНК-Технологии</p> <p>Управляющий компьютер с монитором.</p> <p>Источник беспереб. питания Smart Winner II 3000 (3000ВА/2700 ВТ) IPPON в комплекте с сетевым фильтром</p> <p>Термостат твердотельный с таймером, ДНК Технология, Термит ТТ2</p> <p>Флуориметр</p> <p>Термостат типа «Драй-блок» TDB120 с крышкой и термоблоком А103, Biosan</p> <p>Ноутбук Acer №19С1</p> <p>Встряхиватель лаборат. медицинский «ЦВ-2500»</p> <p>Весы лабораторные Shinko Denshi AJ 820 CE, Vibra</p> <p>Весы лабораторные Shinko Denshi AB 623 RCE, Vibra</p> <p>Мешалка магнитная WH260-Н с подогревом до 450°С, 100-1500 об/мин объём по воде 20 л, 180×180 мм, с термодатчиком РТ 100-01 и держателем РТ 100-05, Wiggens</p> <p>Микроцентрифуга MPC-P25, 2300 об/мин, с горизонт. ротором для планшетов, Microplate centrifuge, Allsheng</p> <p>Трансиллюминатор, Квант 312, Helicon, 1 шт.</p> <p>Блок питания, процессор ASUS</p> <p>pH-метр, pH400 F</p> |
|--|--|

|  |  |  |
|--|--|--|
|  |  | Центрифуга Mini-15K<br>Ламинарный бокс, БАВ-«Ламинар»-С,<br>Lamsystems 1R-G, 001-12<br>Аспиратор лабораторный АЛ-1000, Helicon, 1 шт.<br>Thermo-Shaker incubator MS-100<br>Рециркулятор ОРБ-2Н, Pozis ETRA<br>Гомогенизатор лабораторный Bioprep-6, Allsheng,<br>Полуавтоматическая станция выделения ДНК,<br>Auto pure, Allsheng, 1 шт. |
|--|--|--|

### 3.3. Учебно-методическое обеспечение программы

**Дисциплина: Введение в молекулярную биологию.**

**Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.**

#### **Литература:**

1. НАЦИОНАЛЬНЫЙ СТАНДАРТ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ. Продукты пищевые. Методы анализа для обнаружения генетически модифицированных организмов и полученных из них продуктов. Экстракция нуклеиновых кислот: ГОСТ Р 52775–2019. - М.: Стандартинформ, 2019. - 12 с.
2. Рис А., Стернберг М. Введение в молекулярную биологию: от клеток к атомам / пер. с англ. - М.: Мир, 2002. - 142 с.
3. Кузнецов С. Л. Молекулярная биология. Введение в молекулярную цитологию и гистологию: учеб. пособие. 3-е изд., испр. и доп. - СПб.: Лань, 2016. — 464 с.
4. Кутлунина Н.А., Ермошин А.В. Молекулярно-генетические методы в исследовании растений: учеб.-метод. пособие. — Екатеринбург: Изд-во Уральского ун-та, 2025. - 212 с.
5. Рябова А.Е. Подбор и оптимизация методов экстракции ДНК из различного растительного материала // Лесные ресурсы и лесное хозяйство. - 2023. - № 4. - С. 15–24.
6. Ryabova A. E. Efficient method of DNA isolation from seedling of forage legumes for subsequent PCR analysis // Adaptation of Agriculture and Agroecology. - 2023. - Vol. 16, № 1. - P. 45–52.
7. Коничев А.С., Севастьянова Г.А., Цветков И.Л. Молекулярная биология: учеб. для вузов. 5-е изд. - М.: Юрайт, 2023. - 422 с. - Сер. «Высшее образование». - ISBN 978-5-534-13468-1.
8. Иванищев В.В. Молекулярная биология: учебник. - М.: РИОР, 2023. - 233 с. - Сер. «Высшее образование». — ISBN 978-5-369-01857-6.
9. [https://dna-technology.ru/sites/default/files/pcr\\_a5\\_083-4.pdf](https://dna-technology.ru/sites/default/files/pcr_a5_083-4.pdf)
10. Печатные раздаточные материалы для слушателей.

**Дисциплина: Геномика и маркирование генома**

## Модуль 2. Геномика, как основа маркирования

### Литература:

1. ГОСТ Р 52833–2007. Микробиология пищевой продукции и кормов для животных. Метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) для определения патогенных микроорганизмов. - М.: Стандартинформ, 2007. - 16 с.
2. ГОСТ ISO 22118–2013. Микробиология пищевых продуктов и кормов для животных. Полимеразная цепная реакция (ПЦР) для обнаружения и количественного учёта патогенных микроорганизмов в пищевых продуктах. - М.: Стандартинформ, 2013. - 30 с.
3. ГОСТ ISO 22119–2013. Микробиология пищевых продуктов и кормов для животных. Полимеразная цепная реакция в режиме реального времени (PCR-RV) для обнаружения и определения патогенов. - М.: Стандартинформ, 2013. - 28 с.
4. ГОСТ Р 56919–2016. Организация испытаний ПЦР-наборов, используемых для идентификации целевых таксонов микрофлоры, растений и генетически модифицированных организмов. Требования к качеству, безопасности, транспортированию и хранению. - М.: Стандартинформ, 2016. - 24 с.
5. ГОСТ Р 57175–2016. Требования к качеству и безопасности ПЦР-наборов, проведению исследований и испытаний с использованием метода ПЦР при идентификации целевых таксонов микрофлоры, растений и генетически модифицированных организмов. - М.: Стандартинформ, 2016. — 20 с.
6. Рис А., Стернберг М. Введение в молекулярную биологию: от клеток к атомам / пер. с англ. - М.: Мир, 2002. - 142 с.
7. Кутлунина Н.А., Ермошин А.В. Молекулярно-генетические методы в исследовании растений: учеб.-метод. пособие. - Екатеринбург: Изд-во Уральского ун-та, 2025. - 212 с.
8. Ryabova A. E. Efficient method of DNA isolation from seedling of forage legumes for subsequent PCR analysis // Adaptation of Agriculture and Agroecology. - 2023. - Vol. 16, № 1. - P. 45–52.
9. Коничев А.С., Севастьянова Г.А., Цветков И.Л. Молекулярная биология: учеб. для вузов. 5-е изд. - М.: Юрайт, 2023. - 422 с. - Сер. «Высшее образование». - ISBN 978-5-534-13468-1.
10. Иванищев В.В. Молекулярная биология: учебник. - М.: РИОР, 2023. - 233 с. - Сер. «Высшее образование». — ISBN 978-5-369-01857-6.
11. [https://dna-technology.ru/sites/default/files/pcr\\_a5\\_083-4.pdf](https://dna-technology.ru/sites/default/files/pcr_a5_083-4.pdf)
12. [https://sites.icgbio.ru/dpo/wp-content/uploads/sites/35/2023/10/molec\\_select.pdf](https://sites.icgbio.ru/dpo/wp-content/uploads/sites/35/2023/10/molec_select.pdf)
13. Генетический маркер как основа геномной маркировки // Генетика. - 2020. - Т. 56, № 12. - С. 1366–1377.
14. Печатные раздаточные материалы для слушателей.

**Дисциплина: Биоинформатический анализ**

**Модуль 3. Биоинформатический анализ**

### Литература:

1. Часовских Н. Ю. Биоинформатика: учебник. - М.: ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5.
2. Стефанов В. Е., Тулуб А. А., Мавропуло-Столяренко Г. Р. Биоинформатика: учебник для академического бакалавриата. - [М.: URSS], 2023. - 252 с. - Режим доступа: <https://urss.ru/cgi-bin/db.pl?lang=Ru&blang=ru&page=Book&id=224843>. - Дата обращения: 29.03.2026.3.
4. [https://sgla.ru/sveden/files/vip/YAnovskaya\\_Bioinformatika\\_YANovskaya.pdf](https://sgla.ru/sveden/files/vip/YAnovskaya_Bioinformatika_YANovskaya.pdf)
5. [https://elar.ssmu.ru/bitstream/20.500.12701/2407/1/tut\\_ssmu-2015-14.pdf](https://elar.ssmu.ru/bitstream/20.500.12701/2407/1/tut_ssmu-2015-14.pdf)

### 3.4. Календарный учебный график

дополнительной профессиональной программы профессиональной переподготовки «Молекулярно-генетические и биоинформатические методы в селекции растений»

с присвоением квалификации

**Специалист молекулярно-генетической лаборатории**

| Период обучения (недели)* | Наименование модуля (раздела, темы)   |
|---------------------------|---|
| 1 неделя                  | Раздел I. Введение в молекулярную биологию.<br>Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.<br>Тема 1.1. Строение и функции нуклеиновых кислот и белков.<br>Тема 1.2. Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот.<br>Тема 1.3. Строение генов про-и эукариот. Механизмы транскрипции.<br>Тема 1.4. Трансляция.<br>Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети.   |
| 2 неделя                  | Раздел II. Геномика и маркирование генома.<br>Модуль 2. Геномика, как основа маркирования.<br>Тема 2.1. Строение геномов про-и эукариот. Геномная селекция.<br>Тема 2.2. Маркерная селекция. Типы последовательностей генома. Уникальные последовательности генома растений. Устранение проблем при постановке ПЦР и при анализе маркеров.<br>Тема 2.3. Генетическая паспортизация. Умеренно повторяющиеся последовательности. Молекулярные маркеры в зерновых культурах. Тема 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах.<br><br>Раздел III. Биоинформатический анализ.<br>Модуль 3. Биоинформатический анализ.<br>Тема 3.1. Биоинформатический анализ данных геномного анализа и молекулярного маркирования.<br>Тема 3.2. Основные программы по статистическому анализу молекулярных данных и их практическое применение. |
| 3 неделя (онлайн)         | Раздел I. Введение в молекулярную биологию.<br>Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.   |

|   |  |
|---|--|
|   | <p>Тема 1.1. Строение и функции нуклеиновых кислот и белков.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Белки: мономеры и уровни организации.</li> <li>2. Факторы стабилизации: водородные, гидрофобные взаимодействия, дисульфидные мостики.</li> </ol>  |
| 4 неделя<br>(онлайн)  | <p>Раздел I. Введение в молекулярную биологию.</p> <p>Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.</p> <p>Тема 1.2. Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Репарация ДНК.</li> <li>2. Пост-репликационная репарация ДНК.</li> </ol>   |
| 5 неделя<br>(онлайн)  | <p>Раздел I. Введение в молекулярную биологию.</p> <p>Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.</p> <p>Тема 1.3. Строение генов про-и эукариот. Механизмы транскрипции.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Механизмы транскрипции: прокариоты.</li> <li>2. Механизмы транскрипции: эукариоты.</li> <li>3. Регуляция транскрипции.</li> </ol> |
| 6 неделя<br>(онлайн)  | <p>Раздел I. Введение в молекулярную биологию.</p> <p>Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.</p> <p>Тема 1.4. Трансляция.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Регуляция трансляции.</li> <li>2. Связь с транскрипцией: кополимерность у прокариот; у эукариот - посттранскрипционная модификация мРНК (экспорт из ядра)</li> </ol>         |
| 7 неделя<br>(онлайн)  | <p>Раздел I. Введение в молекулярную биологию.</p> <p>Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.</p> <p>Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Связь генных сетей с фенотипом.</li> <li>2. Методы исследования генных сетей</li> </ol>  |
| 8 неделя<br>(онлайн)  | <p>Раздел II. Геномика и маркирование генома.</p> <p>Модуль 2. Геномика, как основа маркирования.</p> <p>Тема 2.1. Геномная селекция.</p>  |
| 9 неделя<br>(онлайн)  | <p>Раздел II. Геномика и маркирование генома.</p> <p>Модуль 2. Геномика, как основа маркирования.</p> <p>Тема 2.2. Маркерная селекция.</p>   |
| 10 неделя<br>(онлайн)   | <p>Раздел II. Геномика и маркирование генома.</p> <p>Модуль 2. Геномика, как основа маркирования.</p> <p>Тема 2.3. Генетическая паспортизация.</p>   |
| 11 неделя<br>(онлайн)   | <p>Раздел II. Геномика и маркирование генома.</p> <p>Модуль 2. Геномика, как основа маркирования.</p> <p>Тема 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах.</p>  |
| *Точный порядок реализации модулей (дисциплин) обучения определяется в расписании занятий |  |

## **4. ОЦЕНКА КАЧЕСТВА ОСВОЕНИЯ ПРОГРАММЫ**

Оценка качества освоения программы включает текущую, промежуточную и итоговую аттестацию слушателей.

### **4.1 Форма аттестации**

Промежуточный контроль умений и навыков проводится после каждого пройденного модуля в виде защиты практической работы.

Итоговая аттестация проводится в виде итогового квалификационного экзамена (итоговое тестирование).

### **4.2 Оценочные средства**

Оценка качества освоения программы включает текущую, промежуточную и итоговую аттестацию слушателей.

Итоговая аттестация слушателей осуществляется аттестационной комиссией в виде **итогового тестирования**.

### **Примерный перечень вопросов к промежуточному контролю умений и навыков (защита практической работы.)**

#### **Раздел I. Введение в молекулярную биологию.**

#### **Модуль 1. Введение в молекулярную биологию. Методы экстракции ДНК.**

#### **Тема 1.1. Строение и функции нуклеиновых кислот и белков.**

1. Что такое гомогенизация и для чего она необходима при выделении ДНК?
2. Как гомогенизация с помощью пестика влияет на выход и качество ДНК?
3. Какие типы образцов (ткани, клетки, растительный материал) чаще всего требуют механической гомогенизации пестиком?
4. Какие буферы обычно используют при гомогенизации и какова их роль?
5. Какие ошибки при гомогенизации могут привести к снижению выхода ДНК (недостаточное измельчение, перегрев, загрязнение)?
6. Какие компоненты включают в буфер лизиса для выделения геномной ДНК?
7. Какие функции выполняют детергенты (например, SDS) и протеазы в буфере лизиса?
8. Какие меры предпринимают для ингибирования нуклеаз ( $Mg^{2+}$ -зависимых ДНК- и РНК-нуклеаз) при выделении ДНК?
9. Почему важно поддерживать нужный pH и ионную силу буфера при лизисе клеток?
10. Каковы основные этапы фенол-хлороформного метода выделения ДНК (лизис, экстракция, осаждение)?
11. Какие физико-химические свойства фенола и хлороформа позволяют использовать их для разделения белков и ДНК?

12. Какую роль играет изоамиловый спирт в смеси фенол-хлороформ-изоамиловый спирт?
13. Как формируется двухфазная система при добавлении фенол-хлороформа и где в итоге находится ДНК?
14. Какие компоненты переходят в органическую фазу, а какие остаются в водной при фенол-хлороформной экстракции?
15. Почему после фенол-хлороформной экстракции проводят повторную экстракцию только хлороформом?
16. Как и за счёт каких свойств ДНК её осаждают этанолом или изопропанолом?
17. Какова роль ацетатов (натрия, аммония) при осаждении ДНК?
18. Как оценивают качество и чистоту выделенной ДНК (спектрофотометрия, электрофорез, OD260/OD280)?
19. Какие меры безопасности необходимо соблюдать при работе с фенолом и хлороформом?
20. В каких случаях целесообразно использовать фенол-хлороформный метод, а когда предпочтительнее наборы на колонках или магнитных частицах?

### **Тема 1.2. Репликация. Особенности репликации у про- и эукариот.**

1. Какова структура хромосомы у большинства прокариот и сколько репликонов она содержит?
2. Что такое репликон, точка инициации (*oriG*) и как организована репликационная вилка у бактерий?
3. Чем объясняется высокая скорость репликации у прокариот?
4. Как репликация ДНК у прокариот связана с процессами транскрипции и делением клетки?
5. Какие фрагменты Оказаки образуются на отстающей цепи и как они соединяются?
6. Почему у эукариот репликация ДНК идет в S-фазе клеточного цикла?
7. Что такое репликон в эукариотической хромосоме и сколько их может быть?
8. Как структура хроматина (нуклеосомы) влияет на процесс репликации ДНК?
9. Каковы основные функции ДНК-полимераз  $\alpha$ ,  $\delta$ ,  $\epsilon$  в эукариотической репликации?
10. В чем заключается «проблема концов» линейных хромосом и как она решается?
11. Какова роль теломер и теломеразы в поддержании структуры хромосом?
12. Перечислите основные отличия репликации ДНК у прокариот и эукариот по числу репликонов и структуре хромосом.
13. Как различается скорость синтеза ДНК у прокариот и эукариот и почему это не является существенным ограничением для эукариот?
14. Чем отличается организация репликационной вилки у прокариот и эукариот?
15. Как различаются регуляция репликации и связь с клеточным циклом у про- и эукариот?

### **Тема 1.3. Строение генов про-и эукариот. Механизмы транскрипции.**

1. Что такое ген с точки зрения молекулярной биологии?
2. В чем заключается оперонная модель организации генов у прокариот?
3. Перечислите основные компоненты оперона (промотор, оператор, структурные гены, терминатор).
4. Как регуляция транскрипции оперона осуществляется на примере лактозного оперона *E. coli*?
5. Какова структура непрерывного гена у прокариот?
6. Каково строение гена эукариот: какие участки входят в состав единицы транскрипции?
7. Что такое экзоны и интроны и каково их место в гене эукариот?
8. Какова роль промотора, энхансеров и других регуляторных элементов в гене эукариот?
9. Что такое альтернативный сплайсинг и как он влияет на разнообразие белков?
10. Как эукариотические гены отличаются от прокариотических по наличию интронов и сложности регуляции?
11. Что такое транскрипция и в каком направлении происходит синтез РНК?
12. Какие типы РНК синтезируются в клетке (мРНК, тРНК, рРНК и др.)?
13. Что такое транскрипционная единица и как она связана с геном?
14. Какие основные этапы транскрипции выделяют (инициация, элонгация, терминация)?
15. Какие ферменты и факторы участвуют в транскрипции (РНК-полимераза, факторы транскрипции)?
16. Какова структура РНК-полимеразы у прокариот и какую роль играет сигма-фактор?
17. Как происходит распознавание промотора и инициация транскрипции у прокариот?
18. Как осуществляется элонгация цепи РНК и чем она сопровождается?
19. Как связана транскрипция и трансляция у прокариот (полисомальные мРНК)?
20. Сколько типов РНК-полимераз выделяют у эукариот и какие РНК они синтезируют?
21. Как происходит инициация транскрипции мРНК (роль РНК-полимеразы II и факторов транскрипции)?

### **Тема 1.4. Трансляция.**

1. Что такое трансляция и какова её биологическая роль?
2. Какие три основных этапа трансляции выделяют (инициация, элонгация, терминация)?
3. Какие макромолекулы и факторы участвуют в процессе трансляции (мРНК, тРНК, рибосомы, ферменты, факторы инициации, элонгации и терминации)?
4. Что такое кодон и антикодон и как они взаимодействуют в ходе трансляции?

5. Какие основные свойства генетического кода (универсальность, вырожденность, триплетность, неперекрываемость)?
6. Какова структура и функция тРНК: что такое акцепторный конец и антикодоновая петля?
7. Что такое аминокислотно-тРНК-синтетазы и какова их роль в трансляции?
8. Как организованы рибосомы у прокариот и эукариот (субъединицы и их размеры)?
9. Какие центры рибосомы участвуют в трансляции (А-, Р- и Е-сайты)?
10. Что такое инициаторный кодон и какая аминокислота он кодирует в большинстве случаев?
11. Опишите этап инициации трансляции у прокариот и у эукариот.
12. Как происходит распознавание стартового кодона и формирование инициационного комплекса?
13. Как осуществляется элонгация цепи белка: что происходит на каждом цикле?
14. Какие белковые факторы (EF-Tu, EF-Ts, EF-G у прокариот; их аналоги у эукариот) участвуют в элонгации?
15. Как происходит терминация трансляции при встрече с «стоп»-кодоном?
16. В чем заключаются основные отличия трансляции у прокариот и эукариот (локализация, скорость, строение рибосом)?
17. Какие антибиотики ингибируют трансляцию у прокариот и почему они могут быть селективными?
18. Как осуществляется посттрансляционная модификация белков и как она связана с трансляцией?
19. Что такое полисома и как она повышает эффективность синтеза белка?
20. Как регуляция трансляции может влиять на экспрессию генов (примеры регуляторных белков, miРНК и др.)?

### **Тема 1.5. Генная регуляция и генные сети.**

1. Что такое генная регуляция и зачем она нужна клетке?
2. Какие уровни регуляции экспрессии генов выделяют (транскрипционный, посттранскрипционный, трансляционный, посттрансляционный)?
3. В чем разница между конститутивными и регулируемым генами?
4. Какие факторы могут влиять на экспрессию генов (метаболиты, гормоны, стресс-факторы, сигналы от других клеток)?
5. Что такое репрессор и активатор транскрипции?
6. Что такое оперон и как он устроен (промотор, оператор, структурные гены, терминатор)?
7. Как функционирует лактозный (lac) оперон *E. coli* в отсутствие и в присутствии лактозы?
8. Какую роль играет репрессор лактозного оперона и сАМР-САР?
9. В чем заключается принцип индукции и репрессии генов у прокариот?

10. Какие другие типичные примеры регуляции у прокариот вы знаете (триптофановый operon, arabinose operon)?
11. Транскрипционная регуляция у эукариот
12. Что такое промотор эукариотического гена и каково значение ТАТА-бокса и других cis-элементов?
13. Какие функции выполняют энхансеры и сайленсеры в регуляции транскрипции?
14. Какие типы факторов транскрипции выделяют (общие, тканеспецифические, регуляторные)?
15. Как хроматин и гистоновые модификации влияют на доступность генов для транскрипции?
16. Что такое эпигенетическая регуляция экспрессии генов (метилование ДНК, модификации гистонов)?
17. Как посттранскрипционные механизмы (обработка мРНК, альтернативный сплайсинг, стабильность мРНК) влияют на экспрессию гена?
18. Как регуляция на уровне трансляции (иРНК-ассоциированные белки, микроРНК, длинные некодирующие РНК) модулирует синтез белка?
19. Какие посттрансляционные модификации белков участвуют в регуляции их активности (фосфорилирование, убиквитинирование, гликозилирование)?
20. Что такое генная сеть (регуляторная сеть) и из каких элементов она состоит (гены, факторы транскрипции, сигнальные молекулы)?
21. Приведите примеры генных сетей, участвующих в развитии, дифференцировке клеток или стресс-реакциях.
22. Какие методы используют для изучения генных сетей (транскриптомика, ChIP-seq, bioinformatics-подходы)?
23. Как нарушение работы генных сетей может приводить к заболеваниям (например, рак, наследственные патологии)?

## **Раздел II. Геномика и маркирование генома.**

### **Модуль 2. Геномика, как основа маркирования.**

#### **Тема 2.1. Строение геномов про-и эукариот. Геномная селекция.**

1. Что такое геном и чем отличается геном прокариот от генома эукариот?
2. Как устроена хромосома у прокариот: кольцевая ДНК, плазмиды, отсутствие ядра.
3. Перечислите основные особенности эукариотического генома (линейные хромосомы, ядро, хроматин, повторы, интроны).
4. В чем заключается различие между гаплоидным и диплоидным геномом?
5. Каково процентное содержание кодирующих и некодирующих последовательностей в геномах прокариот и эукариот?
6. Что такое молекулярный маркер и для каких целей он используется в селекции?

7. Какие основные типы молекулярных маркеров вы знаете (RAPD, AFLP, SSR, SNP, RFLP)?
8. В чем заключаются преимущества и недостатки маркеров AFLP и SSR (мини- и микросателлитов)?
9. Как молекулярные маркеры используются для картирования генов и агрономически важных признаков (QTL-анализ)?
10. Приведите пример использования маркер-ассоциированных признаков (MAS) в селекции сельскохозяйственных культур.
11. Что такое геномная селекция и чем она отличается от классической и маркер-ассоциированной селекции?
12. Какие исходные данные необходимы для проведения геномной селекции (обширный генотип, фенотип, статистические модели)?
13. Какие типы маркеров чаще всего используют в геномной селекции (множество SNP-маркеров по всему геному)?
14. Какие преимущества геномной селекции перед традиционными методами (сокращение циклов селекции, отбор по раннему возрасту, более высокая точность)?
15. Какие ограничения и трудности связаны с применением геномной селекции (стоимость генотипирования, необходимость крупных выборок, сложность моделей)?
16. Как геномная селекция используется в животноводстве (молочное животноводство, свиноводство) и растениеводстве (злаки, бобовые, технические культуры)?
17. Какие молекулярные технологии (NGS, массивы SNP, секвенирование по геному) лежат в основе современных подходов к изучению геномов и маркеров?
18. Как развитие геномной селекции влияет на скорость селекционного процесса и устойчивость сортов/линий к болезням и стрессам?
19. Какие этические и экономические вопросы связаны с широким внедрением геномной селекции в сельское хозяйство?
20. Как молекулярные маркеры и геномная селекция могут применяться к конкретным культурам, с которыми вы работаете (например, сахарная свекла, зерновые, плодовые культуры)?

**Тема 2.2. Маркерная селекция. Типы последовательностей генома. Уникальные последовательности генома растений. Устранение проблем при постановке ПЦР и при анализе маркеров.**

1. Какие основные типы последовательностей выделяют в геноме (уникальные, повторяющиеся, рибосомные, теломерные, интроны, спейсеры)?
2. В чем отличие уникальных последовательностей от семейств повторяющихся последовательностей?
3. Что такое тандемные и диспергированные повторы, приведите примеры.
4. Какую роль играют рибосомные кластеры (rDNA-повторы) в геноме?

5. Какие последовательности относят к функциональным (кодирующие гены, регуляторные элементы) и к «молчащим» (большинство повторов)?
6. Что такое уникальные последовательности и почему они особенно важны для молекулярной селекции?
7. Какие типы генов чаще всего локализуются в уникальных участках генома растений?
8. Почему именно уникальные последовательности используются как основа для разработки специфичных ПЦР-маркеров?
9. Какие подходы применяют для поиска и идентификации уникальных последовательностей в геноме растений (EST, NGS, ВАС-клонирование и др.)?
10. Какие особенности генома растений (полиплоидия, обилие повторов) затрудняют анализ уникальных последовательностей?
11. Какие наиболее частые проблемы возникают при постановке ПЦР (отсутствие продукта, неспецифические полосы, слабый сигнал, ступенчатость лестницы)?
12. Как влияют концентрация магния, дНТФ, матрицы ДНК и праймеров на результат ПЦР?
13. Какие параметры температурного режима ( $T_m$  праймеров, температура отжига, время и число циклов) нужно оптимизировать при проблемах с ПЦР?
14. Какие стратегии используют для повышения специфичности ПЦР (градиент  $T_m$ , «hot-start»-полимераза, nested-ПЦР, Touch-down-ПЦР)?
15. Какие виды контаминации (шаблон, ампликоны, праймер-димеры) могут привести к ложным результатам ПЦР и как их минимизировать?
16. Какие типичные артефакты наблюдаются при гель-электрофорезе (смаз, пропуски, добавочные полосы, неравномерная яркость)?
17. Какие причины могут приводить к отсутствию ожидаемых полос в маркерном анализе (плохое качество ДНК, неоптимизированная ПЦР, неадекватный дизайн праймеров)?
18. Как проводить валидацию молекулярного маркера (внутренние контрольные образцы, повторные анализы, сопоставление с фенотипом)?
19. Какие особенности нужно учитывать при анализе SSR/SSLP и SNP-маркеров у растений (полиплоидия, аллельная дозировка, копирование повторов)?
20. Какие меры предосторожности применяют при аналитике маркеров в селекции, чтобы избежать ошибок в выводах о генотипе и ассоциациях с признаками?

**Тема 2.3. Генетическая паспортизация. Умеренно повторяющиеся последовательности. Молекулярные маркеры в зерновых культурах.**

1. Что такое умеренно повторяющиеся последовательности и как они отличаются от высокоповторяющихся и уникальных?
2. Какие типовые примеры умеренно повторяющихся последовательностей встречаются в геномах растений (например, некоторые гены семейств, транспозоны, рибосомные гены)?
3. Какова роль умеренно повторяющихся последовательностей в организации генома и его эволюции?
4. Какие методы используют для выявления и анализа умеренно повторяющихся последовательностей (Southern-гибридизация, NGS, биоинформатический анализ повторов)?
5. В чем заключаются трудности при работе с умеренно повторяющимися участками при разработке специфичных молекулярных маркеров?
6. Какие типы молекулярных маркеров чаще всего применяются в зерновых культурах (пшеница, рожь, ячмень, кукуруза, овес, просо)?
7. Какие преимущества и недостатки у маркеров SSR, SNP, AFLP и RAPD применительно к зерновым культурам?
8. Как молекулярные маркеры используются для сорто- и линейной идентификации зерновых?
9. Как маркеры применяются для отбора по хозяйственно-ценным признакам (устойчивость к болезням, засухе, качеству зерна)?
10. Какие особенности геномов зерновых (полиплоидия, большие размеры, обилие повторов) влияют на дизайн и эффективность маркеров?
11. Как интерпретируют профиль маркеров при анализе генетической изменчивости и родства сортов/линий зерновых?
12. Как используются маркеры для картирования генов и QTL-локусов в популяциях зерновых культур?
13. Какие подходы применяют для интеграции данных по молекулярным маркерам с фенотипическими характеристиками в селекции зерновых?
14. Какие трудности возникают при переносе маркеров между сортами или видами (межвидовая и межсортовая переносимость)?
15. Какие перспективы связывают с использованием SNP-микрочипов и геномной селекции в зерновых культурах?

**Тема 2.4. Высокоповторяющиеся последовательности генома. Молекулярные маркеры в овощных культурах.**

1. Что такое высокоповторяющиеся последовательности и какими их основными характеристиками они обладают?
2. Какие типы высокоповторяющихся последовательностей выделяют (тандемные повторы: сателлитная ДНК, мини- и микросателлиты; диспергированные повторы, ретротранспозоны)?
3. В каких участках генома преимущественно локализируются высокоповторяющиеся последовательности (центромеры, теломеры, гетерохроматиновые области)?

4. Какова роль высокоповторяющихся последовательностей в организации хромосом и поддержании их структуры?
5. Какие методы используют для анализа высокоповторяющихся последовательностей (денатурация–репликация, гибридизация, NGS, биоинформатический анализ)?
6. Какие высокоповторяющиеся последовательности могут быть использованы в качестве молекулярных маркеров (например, сателлитные ДНК, транспозон-ассоциированные маркеры)?
7. Какие маркерные системы основаны на работе с повторяющимися последовательностями (ISSR, IRAP, REMAP, S-SAP и др.)?
8. Какие преимущества и ограничения имеют маркеры, основанные на высокоповторяющихся участках (высокая полиморфность, низкая специфичность, трудности с ко-доминантностью)?
9. В каких случаях целесообразно применять маркеры, основанные на высокоповторяющихся последовательностях (анализ генетического разнообразия, родства, фингерпринтинг сортов)?
10. Какие особенности повторов нужно учитывать при интерпретации маркерных профилей у растений?
11. Какие типы молекулярных маркеров чаще всего применяются в овощных культурах (SSR, SNP, AFLP, RAPD, ISSR, SCAR и др.)?
12. Как используются молекулярные маркеры для сорто- и образцовой идентификации овощных культур (томат, перец, огурец, капуста, лук и др.)?
13. Как маркеры применяются для отбора по признакам устойчивости к болезням и вредителям у овощных культур?
14. Как молекулярные маркеры используются для анализа генетического разнообразия и родословной сортов/линий овощных культур?
15. Какие особенности генома овощных культур (размер генома, гетерозис, полиплоидия, кросс-опыляемость) влияют на выбор и эффективность маркерных систем?
16. Какие типичные проблемы возникают при использовании маркеров в овощных культурах (низкая повторяемость, несоответствие генотип–фенотип, нестабильность маркеров)?
17. Как связаны молекулярные маркеры и геномная селекция в овощных культурах?
18. Какие перспективы связаны с применением SNP-микрочипов и NGS-подходов для ускорения селекции овощных культур?
19. Какие ограничения и затраты сдерживают массовое внедрение маркер-ассоциированной и геномной селекции в овощных культурах?
20. Приведите пример использования маркеров в конкретной овощной культуре, с которой вы работаете (например, огурец, томат, капуста).

**Раздел III. Биоинформатический анализ.**  
**Модуль 3. Биоинформатический анализ.**

### **Тема 3.1. Биоинформатический анализ данных геномного анализа и молекулярного маркирования.**

1. Что такое биоинформатика и какова её роль в геномном анализе и молекулярном маркировании?
2. Какие типы данных геномного анализа используются в биоинформатике?
3. Какие форматы файлов наиболее часто встречаются в геномике?
4. Какие основные этапы биоинформатического анализа данных секвенирования выделяют (качество, очистка, выравнивание, аннотация, анализ вариантов)?
5. Какие программы и пакеты используют для первичного анализа данных?
6. Как оценивают качество NGS-данных и какие показатели важны?
7. Как проводится предварительная обработка ридов?
8. Какие принципы используют при выравнивании ридов на референсный геном (алгоритмы, индексирование, типы выравнивания)?
9. Какие виды вариаций идентифицируют в геномных данных?
10. Какие критерии используют для фильтрации вариантов (минимальное покрытие, качество варианта, частота аллеля)?
11. Как биоинформатические методы используются для разработки молекулярных маркеров?
12. Какие алгоритмы и программы применяют для поиска микросателлитов и SSR-маркеров в геномных последовательностях?
13. Как проводится дизайн праймеров для SSR, SNP и других типов маркеров?
14. Как осуществляется сопоставление маркерных данных с фенотипом?
15. Какие статистические и программные подходы используют в GWAS?
16. Какие программы и инструменты используют для визуализации геномных данных?
17. Как интерпретируют таблицы SNP-вариантов и генотипов (генотипирование, фиксация аллелей, частота аллелей)?
18. Какие типы графиков и диаграмм применяют для анализа генетического разнообразия?
19. Как биоинформатические результаты интегрируются в селекционный процесс?
20. Какие типичные проблемы возникают при биоинформатической обработке данных геномного анализа и молекулярного маркирования?

### **Тема 3.2. Основные программы по статистическому анализу молекулярных данных и их практическое применение.**

1. Какие основные задачи решает статистический анализ в работе с молекулярными данными (генотипы, маркеры, фенотипы)?

2. Почему важно проводить статистическую обработку данных молекулярного маркирования до интерпретации биологических результатов?
3. Какие типы данных чаще всего подвергают статистическому анализу в генетике и селекции?
4. Какие основные статистические методы используются при анализе молекулярных данных?
5. Какие универсальные статистические пакеты применяют в молекулярной генетике и какие их основные преимущества?
6. В чем заключаются особенности среды R для статистического и биоинформатического анализа молекулярных данных?
7. Какие программные продукты чаще всего используют для генетико-статистических расчетов?
8. В чем отличие специализированных программ по популяционной генетике (GenAlEx, STRUCTURE, PLINK) от общих статистических пакетов?
9. Как программы Excel и Google Sheets применяются на начальных этапах обработки и подготовки молекулярных данных?
10. Какие статистические параметры популяции рассчитываются в программе GenAlEx (наблюдаемая/ожидаемая гетерозиготность, индекс разнообразия, F-статистики)?
11. Как программу STRUCTURE используют для анализа генетической структуры популяций и выявления кластеров по генетическим данным?
12. Как программа Cervus применяется в родословных и популяционных исследованиях (определение родительских пар, проверка связи «отец–потомок»)?
13. Как программа PLINK используется для анализа данных полногеномного SNP-генотипирования (контроль качества, фильтрация, построение матриц IB/IBS, GWAS)?
14. Как пакеты TASSEL, GAPIT и R-библиотеки используются в ассоциативных анализах (GWAS, MLM, GLM) для выявления маркеров, связанных с признаками?
15. Какие типы графиков чаще всего строят в ходе статистического анализа молекулярных данных?
16. Как программы R применяются для визуализации генетического разнообразия и родословной?
17. Как интерпретируют результаты PCA и кластерного анализа при изучении генетического сходства и различий между сортами/линиями?
18. Какие ошибки интерпретации чаще всего допускают при анализе молекулярных данных (множественное тестирование, отсутствие поправки на размер выборки, игнорирование структуры популяции)?
19. Какие критерии используют при выборе программы для статистического анализа молекулярных данных (тип данных, размер выборки, уровень подготовки, наличие готовых скриптов/пакетов)?

20. Какие практические навыки необходимы специалисту по молекулярным данным для работы с программами статистического анализа (форматы данных, написание скриптов, настройка параметров анализа)?
21. Как интегрируют результаты статистического анализа маркерных данных в селекционный процесс (отбор родителей, оценка генетического разнообразия, маркер-ассоциированный отбор)?

**Требования к содержанию итогового квалификационного экзамена  
(шкала оценивания).**

По окончании курса слушатель сдает квалификационный экзамен в виде итогового тестирования. Для тестирования слушателю программой случайно выдается 40 вопросов.

Шкала оценивания:

- 20 правильных вопросов – оценка 3
- 25 правильных вопросов – оценка 4
- 30 правильных вопросов – оценка 5

**Банк тестовых заданий к итоговому квалификационному экзамену.**

1. Матричный принцип впервые сформулировал и обосновал

+: Кольцов Н.К.

-: Уотсон Дж. и Крик Ф.

-: Сенгер Ф.

-: Франклин Р.

2. Вставьте пропущенное слово:

### - является единицей генетической, или наследственной информации.

+: ген

3. Вторичную структуру молекулы ДНК открыли:

-: Мишер и Моррис

+: Уотсон и Крик

-: Р. Франклин и Уилкинс

-: Чаргафф и Поллинг

4. Дезоксиаденилат – это...

+: нуклеотид

-: нуклеозид

-: азотистое основание

-: дезоксиаденозин

5. Представлена формула азотистого основания:

-: Гуанина

+: Аденина

-: Цитозина

-: Урацила

6. Молекула ДНК представлена уровнями пространственной организации

+: 3

-: 2

-: 4

-: 2

7. Первичная структура ДНК это:

+: одна полинуклеотидная цепь

-: три полинуклеотидных цепи

-: две полинуклеотидных цепи

-: четыре полинуклеотидных цепи

8. Это формула:

+: гуанина

-: аспарагина

-: пролин

-: цитозина

9. Направление цепи в первичной структуре ДНК

+: 5' - 3'

-: 3' - 5'

10. Стэкинг-заимодействия относятся:

+: к нековалентным связям

+: к ковалентным связям

11. Дополнить предложение

### - водородные взаимодействия в комплементарных парах, принимают участие в стабилизации вторичной структуры молекулы ДНК между стопками азотистых оснований в вертикальном направлении.

12. Установите соответствие

L1: Аденин

L2: Гуанин

L3: Тимин

R1: Пуриновые основания

R3: Пиримидиновые основания

13. Вставьте пропущенное слово:

процесс воссоединения цепей ДНК, называется ### происходит при понижении температуры или рН

+: ренатурацией

+: реассоциацией

+: отжигом

+: ренатурация

+ : реассоциация

+ : отжиг

14. Третичная структура ДНК эукариотических клеток отличается

+ : суперспирализацией

- : релаксированностью

- : центромерностью

15. Вставьте пропущенное слово:

### - расхождение цепей ДНК при нагревании ДНК или при повышении рН называется

+ : плавление

+ : денатурация

16. Соотношение (А+Т):(Г+Ц) у ДНК может быть

+ : различным у разных видов

- : одинаковым у разных видов

- : равным у всех

17. Существуют следующие виды ДНК.

+ : А

+ : В

- : D

+ : Z

+ : С

- : E

18. Основная роль РНК состоит

+ в трансляции генетической информации с образованием белков

- в хранении наследственной информации

+ в осуществлении некоторых специализированных эндонуклеазных функций

19. РНК в клетке млекопитающего составляет

+ около 1% от массы клетки

- около 2,5% от массы клетки

- 0,8% от массы клетки

20. Структура, представленная отдельными участками цепи, образующими спирализованные петли за счет водородных связей между А и У или между Г и Ц, называется

- первичной

- третичной

+ вторичной

21. К видам РНК относятся

- транспортная

- рибосомная
- матричная
- малая цитоплазматическая
- малая ядерная
- малая интерферирующая
- + все выше перечисленное

22. Акцептирование аминокислот и перенос их в белоксинтезирующий аппарат клетки

- главная функция рРНК
- главная функция мРНК
- + главная функция тРНК
- главная функция гяРНК

23. Содержание мРНК в клетках составляет

- 1,8% от общего количества РНК
- + 2 - 6% от общего количества РНК
- 6 - 10% от общего количества РНК
- 0,5 - 1% от общего количества РНК

24. Третьей субчастицей рибосомы называют

- + 5SpРНК в комплексе с рибосомными белками
- 16SpРНК в комплексе с рибосомными белками
- 23SpРНК в комплексе с рибосомными белками
- 28SpРНК в комплексе с рибосомными белками

25. РНК, которая в последовательности нуклеотидных остатков в молекуле несет информацию, обеспечивающую синтез специфического белка непосредственно на ней самой, а также информацию о времени, количестве, месте и условиях синтеза этого белка, называется

- транспортной РНК
- рибосомной РНК
- + матричной РНК
- гетерогенной ядерной РНК

26. Молекулярная масса нуклеотида тРНК равна

- 20000 - 23000Да
- + 24000 - 31000Да
- 32000 - 40000Да

27. В нуклеотиде в положении 3' имеется

- + ОН-группа
- NH
- фосфатный конец

28. Установите соответствие

L1: Гетерогенная ядерная РНК

L2: Малые ядерные РНК

L3: Малые цитоплазматические РНК

R1: смесь транскриптов многих ядерных генов

R1: некоторые РНК частично процессированы и утратили ряд интронов

R2: короткие стабильные молекулы РНК, большинство которых в составе нуклеопротеидных частиц присутствуют в ядре

R2: обнаружены в составе сплайсингосом млекопитающих

R2: эти РНК называют U-РНК из-за большого содержания урацила и его модифицированных форм

R3: большинство этих РНК ассоциированы с крупными семействами последовательностей, содержащими как гены, так и псевдогены

29. Порядок чередования рибонуклеозидмонофосфатов в полинуклеотидной цепи - это

- третичная структура РНК

+ первичная структура РНК

- вторичная структура РНК

30. РНК бывают

- двутяжевые

- одотяжевые

+ все выше перечисленное

31. Интеркаляция - это

- функция мРНК

- слияние двух нуклеотидов в одну молекулу РНК

+ особый вид стэкинга

32. Для синтеза мРНК матрицей служит:

-: белок

+: ДНК

-: рРНК

33. Какое азотистое основание не содержит иРНК

-: гуанин

+: тимин

-: аденин

34. Участок молекулы ДНК, хромосомы, который отвечает за развитие какого-либо признака или нескольких признаков

- гибрид

+: ген

-: генотип

35. Отличие триплета от кодона

-: триплет находится в РНК, а кодон — в ДНК

+: ничем не отличается

-: в кодоне информация закодирована, а в триплете — нет

36. Сколько триплетов в генетическом коде не соответствует ни одной аминокислоте

-: 2

+: 3

-: 5

-: 7

37. Участок иРНК состоит из кодонов: АУЦ-УУУ-ЦГЦ-ГГА. Определите последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК:

-: ТАГ-ГГА-ЦТА-ГТТ

+: ТАГ-ААА-ГЦГ-ЦЦТ

-: ТАГ-ААА-ГЦГ-ЦЦТ

38. Определенная последовательность нуклеотидов и-РНК

-: триплет, который не кодирует аминокислот

+: последовательность нуклеотидов ДНК, кодирующая определенный белок

-: триплет, который кодирует аминокислоту

39. Какая часть генетической информации поступает в дочерние клетки кожи человека при их размножении:

-: четверть информации

+: вся содержащаяся в материнских клетках

-: половина информации

40. Группа азотистых оснований, которая кодирует одну аминокислоту

-: нуклеотид

+: кодон

-: ген

-: нуклеозид

41. Сколько аминокислот не закодировано ни одним триплетом

-: 1

+: 0

-: 2

-: 5

42. Одну аминокислоту кодирует последовательность из трех нуклеотидов. Это свойство генетического кода называется

- : специфичность
- +: триплетность
- : вырожденность

43. Генетический код было трудно расшифровать, потому что:

- : между генами нет «знаков препинания»
- +: аминокислота закодирована несколькими триплетами
- : каждый триплет соответствует одной аминокислоте

44. Правила перевода последовательности нуклеотидов в нуклеиновой кислоте в аминокислотную последовательность белка:

- : специфичность
- +: генетический код
- : универсальность
- :

45. В клетке информация передается по цепочке

- : белок — мРНК — ДНК
- +: ДНК — мРНК — белок
- : мРНК — ДНК — белок

46. Что верно:

- : для одной аминокислоты только один кодон
- +: в генетическом коде есть «знаки препинания»
- : кодон состоит из пяти нуклеотидов

47. Основные матричные синтезы в природе

- +: Репликация
- +: Транскрипция
- : Мутация
- +: Трансляция

48. Принципы транскрипции

- +: комплементарность
- +: антипараллельность
- : унипараллельность
- +: униполярность
- +: прерывистость
- +: асимметричность
- +: потребность в затравке

49. Матричный принцип

- +: полуконсервативный
- : консервативный
- : дисперсионный

50. Днк полимеразы в праймере

+: нуждаются

-: не нуждаются

51. Единицей наследственной информации является

+: ген

-: транскриптон

-: интрон

-: экзон

52. Смысловая цепь ДНК

+: нетранскибируемая

-: транскибируемая

53. Установите соответствие

L1: Pol I транскибируемые гены

L2: Pol II транскибируемые гены

R1: 18 S

R2: U 1

R1: 5.8 S

R1: 28 S

R2: U12

R2: U11

54. Вставьте пропущенное слово:

При синтезе РНК транскибируются отдельные фрагменты одной цепи ДНК – единицы транскрипции – ###.

+: транскриптоны

+: транскриптон

55. Синтезируемая на оперонах бактерий мРНК является

+: Полицистроновой

-: Информативной

-: Моноцистроновой

-: Неинформативной

56. Вставьте пропущенное слово:

### - короткие последовательные ДНК, способные при взаимодействии с регуляторным белком запускать транскрипцию.

+: энхансеры

+: энхансер

57. Вставьте пропущенное слово:

### - это участки ДНК, которые подавляют или полностью исключают возможность транскрипции

+: сайленсоры

+: сайленсор

58. В процессе транскрипции можно выделить следующие стадии:

+: связывание РНК-полимеразы с промотором

-: инициация - начало синтеза

-: элонгация - рост цепи-РНК;

-: терминация - завершение синтеза РНК.

59. Праймеры бывают

+: прямые

+: обратные

-: терминирующие

-: полимеразные

-: элонгирующие

60. Бактериальные РНК-полимеразы

+: сложные белки, состоящие из нескольких субъединиц

-: сложные белки, состоящие из одной субъединиц

-: простые белки, состоящие из нескольких субъединиц

-: простые белки, состоящие из одной субъединиц

61. Дополнить предложение

Фермент *E.coli* содержит пять постоянно присутствующих протомеров, получивших название - ###.

+ конститутивные субъединицы

62. Синтез РНК требует локального расплетания двуцепочечной молекулы ДНК с тем, чтобы РНК-полимераза получила доступ

+: к азотистым основаниям матрицы

-: к остатку фосфорной кислоты

-: к пиримидиновым основаниям

-: к пуриновым основаниям

63. РНК-полимераза раскручивает двуцепочечную молекулу ДНК с помощью особого ДНК-раскручивающего сайта, вступая во взаимодействие с матрицей благодаря наличию в ее структуре

+: «цинковых пальцев»

-: азотистых пальцев

-: цинковых петель

-: шпилек

64. Дополнить предложение

Скорость синтеза РНК у бактерий составляет - 30 нуклеотидов в 1 с, однако она не постоянна и может несколько снижаться. Такие периоды носят название - ###.

+ пауз транскрипции

65. Для эффективного продолжения (элонгации) транскрипции изначально присоединившийся к РНК-полимеразе  $\sigma$ -фактор должен быть замещен фактором элонгации. Одним из этих факторов является

+: белок NUSA *E.coli*

-: белок RIMP *E.coli*

-: белок SECG *E.coli*

-: белок PUR7 *E.coli*

66. Инициация транскрипции происходит в зоне

+: промотора

-: гена-регулятора

-: гена-оператора

-: структурных генов

67. Дополнить предложение

### - особая нуклеотидная последовательность ДНК, которая содержит сигнал начала транскрипции (старт-сигнал).

+: зона промотора

68. Консенсусные последовательности, выведены на основе анализа нескольких десятков различных промоторов и их принято обозначать на

+: нематричной цепи ДНК

+: смысловой цепи ДНК

-: матричной цепи ДНК

-: тРНК

69. Дополнить предложение

### - определяет ту цепь ДНК, которая служит матрицей для синтеза РНК.

+ ориентация промотора

70. Вставьте пропущенное слово

Последовательность 5'-ТАТАТТ-3' называется также - ###.

+: ТАТА-боксом

+: ТАТА-бокс

+: Прибнов-боксом

+: Прибнов-бокс

71. Дополнить предложение

### - локальное плавление относительно непрочно связанных между собой двумя водородными связями комплементарных пар А:Т в дуплексе ДНК.  
+ открытие промотора

72. Терминация транскрипции определяется  
+: особой нуклеотидной последовательностью в ДНК  
+: стоп-сигналом  
-: старт-сигналом  
-: особой нуклеотидной последовательностью в РНК

73. В стоп-сигнале имеется  
+: GC-богатый участок  
-: GC-бедный участок  
-: AT-богатый участок  
-: AT-бедный участок

74. GC-богатый участок, представляющий собой  
+: самокомплементарную нуклеотидную последовательность  
-: некомплементарную нуклеотидную последовательность

75. За GC-богатым участком на матричной цепи расположена  
+: олиго(А)-последовательность  
+: 4-8 адениловых нуклеотида подряд  
-: поли(А)-последовательность  
-: моно(А)-последовательность

76. Транскрипция в области GC-богатого сайта приводит к тому, что в образовавшемся РНК-транскрипте быстро образуется  
+: шпилька  
+: спирализованная область, содержащая комплементарные GC-пары  
-: спирализованная область, содержащая комплементарные AT-пары  
-: спирализованная область, содержащая некомплементарные пары

77. Вставьте пропущенное слово  
Часть терминаторов узнается РНК-полимеразой только с помощью белкового фактора терминации, получившего название - ###.  
+: ρ-фактор  
+: Rho factor  
+: ро-фактор  
+: ро-фактор

78. Rho factor присоединяется к РНК-продукту непосредственно  
+: перед терминатором  
-: после промотора  
-: после оператора

-: перед оператором

79. Дополнить предложение

Дифференциальную активность генов в онтогенезе любого прокариотического или эукариотического организма иначе можно назвать -  
###.

+ экспрессией генов

80. Вставьте пропущенное слово

Путем регуляции генной экспрессии клетки приспособливают свой ### к  
изменяющимся условиям внешней и внутренней среды.

+ фенотип

81. У бактерий набор белков регулируется в основном

+: наличием мРНК, пригодных для трансляции

+: регуляцией самого процесса трансляции в рибосомальном аппарате клетки

+: регуляцией процессов протеолиза белков

-:

82. У эукариот белковый пул в клетке может дополнительно контролироваться  
с помощью процессов

+: созревания первичных транскриптов

+: процессинга первичных транскриптов

+: транспорта зрелых РНК из ядра в цитоплазму

-: транспорта новых РНК из ядра в цитоплазму

83. У прокариот транскрипция и трансляция происходят

+: практически одновременно

+: в едином неструктурированном клеточном содержимом

-: спустя время

-: в едином структурированном клеточном содержимом

84. Первым и главным элементом контроля реализации потока генетической  
информации на пути от ДНК к белку у всех организмов является контроль на  
уровне

+: транскрипции

-: трансляции

-: репликация

-: репарация

85. Транскрипция у прокариот регулируется преимущественно на стадии  
инициации и связана с деятельностью

+: регуляторных белков

-: структурных белков

- : сократительных белков
- : энергетических белков

86. Регуляторные белки являются

- +: активаторами транскрипции
- +: репрессорами транскрипции
- : активаторами трансляции
- : репрессорами трансляции

87. Дополнить предложение

### - группа согласованно регулируемых генов, кодирующих ферменты, занятые осуществлением серии, ведущих к распаду или синтезу тех или иных соединений.

- + оперон

88. Установите соответствие

- L1: (lac)-оперон
- L2: (gal)-оперон
- L3: (trp)-оперон
- R1: лактозный
- R2: галактозный
- R3: триптофановый

89. В состав оперона входят

- +: несколько структурных генов, кодирующих ферменты
- +: промотор
- +: оператор
- : терминатор

90. Дополнить предложение

### - место присоединения РНК-полимеразы.

- + промотор

91. Дополнить предложение

### - фермент, необходимый для проникновения  $\beta$ -галактозидов через клеточную мембрану.

- + пермеаза

92. Негативная регуляция транскрипции наблюдается

- +: при достаточной концентрации глюкозы в клетке
- +: в отсутствие избытка лактозы
- : при недостаточной концентрации глюкозы в клетке
- : в избытке лактозы

93. Позитивная регуляция оперона состоит

- + : в индукции транскрипции
- : в индукции трансляции
- : в дедукции транскрипции
- : в дедукции трансляции

94. Атенуаторная последовательность

- + : способна вызывать преждевременную терминацию транскрипции
- : способна тормозить преждевременную терминацию транскрипции
- : не способна вызывать преждевременную терминацию транскрипции
- : не способна тормозить преждевременную терминацию транскрипции

95. Дополнить предложение

### - процесс посттранскрипционной модификации первичных транскриптов (РНК-предшественников).

- + процессинг

96. Установите соответствие

L1: процессинг у прокариот

L2: процессинг у эукариот

R1: ограниченный характер

R2: тонко организованный процесс

R2: непосредственно влияющий на регуляцию экспрессии генетического материала в дифференцированных клетках

R2: включает сплайсинг, копирование 5'-конца и полиаденилирование 3'-конца первичных транскриптов

97. Сплайсинг состоит

- + : в вырезании из пре-мРНК интронов
- + : в вырезании из пре-мРНК некодирующих областей
- + : в сшивании кодирующих структур белка участков
- + : в сшивании экзонов

98. Вставьте пропущенное слово

Кэпирование представляет собой образование на 5'-конце мРНК особой структуры - ###.

- + : кэпа
- + : кэп
- + : шапочки
- + : шапочка

99. Процессинг у бактерий необходим для образования

- + : зрелых молекул рРНК
- + : зрелых молекул тРНК
- : зрелых молекул мРНК

100. Первичные транскрипты оперонов содержат

+ : последовательности рРНК

+ : вставочные последовательности

+ : спейсеры

- : последовательности мРНК

101. РНКазы III узнают и расщепляют

+ : двунитевые участки

+ : дуплексы

- : спейсеры

- : одонитевые участки

## 5. СПИСОК РЕКОМЕНДУЕМОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. ГОСТ Р 52833–2007. Микробиология пищевой продукции и кормов для животных. Метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) для определения патогенных микроорганизмов. - М.: Стандартинформ, 2007. - 16 с.
2. ГОСТ ISO 22118–2013. Микробиология пищевых продуктов и кормов для животных. Полимеразная цепная реакция (ПЦР) для обнаружения и количественного учёта патогенных микроорганизмов в пищевых продуктах. - М.: Стандартинформ, 2013. - 30 с.
3. ГОСТ ISO 22119–2013. Микробиология пищевых продуктов и кормов для животных. Полимеразная цепная реакция в режиме реального времени (PCR-RV) для обнаружения и определения патогенов. - М.: Стандартинформ, 2013. - 28 с.
4. ГОСТ Р 56919–2016. Организация испытаний ПЦР-наборов, используемых для идентификации целевых таксонов микрофлоры, растений и генетически модифицированных организмов. Требования к качеству, безопасности, транспортированию и хранению. - М.: Стандартинформ, 2016. - 24 с.
5. ГОСТ Р 57175–2016. Требования к качеству и безопасности ПЦР-наборов, проведению исследований и испытаний с использованием метода ПЦР при идентификации целевых таксонов микрофлоры, растений и генетически модифицированных организмов. - М.: Стандартинформ, 2016. - 20 с.
6. НАЦИОНАЛЬНЫЙ СТАНДАРТ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ. Продукты пищевые. Методы анализа для обнаружения генетически модифицированных организмов и полученных из них продуктов. Экстракция нуклеиновых кислот: ГОСТ Р 52775–2019. - М.: Стандартинформ, 2019. - 12 с.
7. Алгоритмы биоинформатического анализа биологических данных и последовательностей: курс «Алгоритмы анализа ББД» / НГУ. - Новосибирск, 2019. - Электронный ресурс. - Режим доступа: <http://mca.nsu.ru/aabbd>. - Дата обращения: 29.03.2026.
8. Генетический маркер как основа геномной маркировки // Генетика. - 2020. - Т. 56, № 12. - С. 1366–1377.
9. Коничев А.С., Севастьянова Г.А., Цветков И.Л. Молекулярная биология: учеб. для вузов. 5-е изд. - М.: Юрайт, 2023. - 422 с. - Сер. «Высшее образование». - ISBN 978-5-534-13468-1.
10. Кутлунина Н.А., Ермошин А.В. Молекулярно-генетические методы в исследовании растений: учеб.-метод. пособие. - Екатеринбург: Изд-во Уральского ун-та, 2025. - 212 с.
11. Иванищев В.В. Молекулярная биология: учебник. - М.: РИОР, 2023. - 233 с. - Сер. «Высшее образование». - ISBN 978-5-369-01857-6.
12. Рябова А.Е. Подбор и оптимизация методов экстракции ДНК из различного растительного материала // Лесные ресурсы и лесное хозяйство. - 2023. - № 4. - С. 15–24.
13. Ryabova A. E. Efficient method of DNA isolation from seedling of forage legumes for subsequent PCR analysis // Adaptation of Agriculture and Agroecology. - 2023. - Vol. 16, № 1. - P. 45–52.

14. Рис А., Стернберг М. Введение в молекулярную биологию: от клеток к атомам / пер. с англ. - М.: Мир, 2002. - 142 с.
15. Стефанов В.Е., Тулуб А.А., Мавропуло-Столяренко Г. Р. Биоинформатика: учебник для академического бакалавриата. - [М.: URSS], 2023. - 252 с. - Режим доступа: <https://urss.ru/cgi-bin/db.pl?lang=Ru&blang=ru&page=Book&id=224843>. - Дата обращения: 29.03.2026.
16. Часовских Н.Ю. Биоинформатика: учебник. - М.: ГЭОТАР-Медиа, 2020. - 352 с. - ISBN 978-5-9704-5542-5.
17. Основы полимеразной цепной реакции (ПЦР). - ООО «ДНК-Технология», 2019. - Режим доступа: [https://dna-technology.ru/sites/default/files/pcr\\_a5\\_083-4.pdf](https://dna-technology.ru/sites/default/files/pcr_a5_083-4.pdf). - Дата обращения: 29.03.2026.
18. Молекулярные основы селекции (материалы лекций «Молекулярная селекция»). - ИЦГБИО. - Режим доступа: [https://sites.icgbio.ru/dpo/wp-content/uploads/sites/35/2023/10/molec\\_select.pdf](https://sites.icgbio.ru/dpo/wp-content/uploads/sites/35/2023/10/molec_select.pdf). - Дата обращения: 29.03.2026.
19. [https://elar.ssmu.ru/bitstream/20.500.12701/2407/1/tut\\_ssmu-2015-14.pdf](https://elar.ssmu.ru/bitstream/20.500.12701/2407/1/tut_ssmu-2015-14.pdf).
20. [https://sgla.ru/sveden/files/vip/YAnovskaya\\_Bioinformatika\\_YANovskaya.pdf](https://sgla.ru/sveden/files/vip/YAnovskaya_Bioinformatika_YANovskaya.pdf).

#### **Составители программы:**

##### **Ковалева Ирина Аркадьевна,**

кандидат биологических наук  
научный сотрудник лаборатории  
молекулярно-генетических исследований  
и селекции растений института аграрной генетики  
и селекции Ставропольского государственного  
аграрного университета, г. Ставрополь  
(Раздел 1, Модуль 1, Тема 1.1, 1.2, 1.3, 1.4, 1.5  
Раздел 2, Модуль 2, Тема 2.1, 2.2, 2.3, 2.4)

---

##### **Кочиева Елена Зауровна,**

доктор биологических наук, профессор,  
главный научный сотрудник лаборатории  
системной биологии растений ФИЦ  
Биотехнологии РАН, заведующая лабораторией  
системной биологии растений ФИЦ  
Биотехнологии РАН, г. Москва  
(Раздел 1, Модуль 1, Тема 1.1, 1.2, 1.3, 1.4, 1.5  
Раздел 2, Модуль 2, Тема 2.1, 2.2, 2.3, 2.4  
Раздел 3, Модуль 3, Тема 3.1, 3.2)

---