

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
профессионального образования
Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова
Факультет биоинженерии и биоинформатики

УТВЕРЖДАЮ

Декан
факультета биоинженерии
и биоинформатики,
академик

_____/В.П. Скулачев /

« ____ » _____ 20 __ г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Наименование дисциплины:

Генная инженерия

Уровень высшего образования:

специалитет

Направление подготовки (специальность):

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

Форма обучения:

очная

Рабочая программа рассмотрена и одобрена

Ученым советом факультета

(протокол № _____, _____)

Москва 20 ____

Рабочая программа дисциплины разработана в соответствии с самостоятельно установленным МГУ образовательным стандартом (ОС МГУ) для реализуемых основных профессиональных образовательных программ высшего образования по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» (программы специалитета) в редакции приказа МГУ от 30 декабря 2016 г.

Год (годы) приема на обучение – 2016, 2017, 2018, 2019.

© Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова

Программа не может быть использована другими подразделениями университета и другими вузами без разрешения факультета.

Цель и задачи дисциплины

Цель дисциплины - обучить студентов генной инженерии и биоинженерии.

Задачи дисциплины:

- обучить студентов теоретическим основам генной инженерии
- научить амплифицировать и клонировать гены
- продуцировать рекомбинантные белки в клетках бактерий, культивируемых клетках животных и в клетках растений
- детектировать экспрессию генов
- дать представление о широком наборе современных методов, используемых в биоинженерии

1. Место дисциплины в структуре ОПОП ВО – базовая часть, математический и естественно – научный цикл, курс III – семестр 6.

2. Входные требования для освоения дисциплины, предварительные условия (если есть): освоение дисциплины «Основы молекулярной биологии», «Микробиология», «Биохимия», а также базовое владение английским языком

3. Планируемые результаты обучения по дисциплине:

Знать: методы и подходы генной инженерии, необходимые для получения молекулярно-генетических конструкций и внесения изменений в них, а также для работы с ними в клетках бактерий, дрожжей, растений и млекопитающих; типы векторов, их компоненты; разные варианты ПЦР (включая количественные); методы получения молекулярных библиотек и высокопроизводительного секвенирования; методы получения рекомбинантных белков; методы искусственного изменения уровня экспрессии генов (в том числе с помощью РНК-интерференции); методы изучения белок-белковых и ДНК/РНК-белковых взаимодействий; оценки уровня экспрессии репортерных генов и их использования для конкретных научных задач; методы визуализации внутриклеточных компонентов с помощью флуоресцентных белков и других меток; способы получения и применения ДНК/РНК-аптамеров; современные методы редактирования генома (включая CRISPR/Cas) и получения трансгенных организмов (включая млекопитающих).

Уметь: осуществить дизайн молекулярно-генетической конструкции под конкретную задачу и разработать алгоритм её получения; выбрать адекватный метод для решения научной задачи и предложить дизайн соответствующих экспериментов.

Владеть: практическими навыками проектирования молекулярно-генетических конструкций и всеми нюансами вышеперечисленных методик.

Иметь опыт: проектирования молекулярно-генетических конструкций и дизайна экспериментов, направленных на решение современных научных задач.

4. Формат обучения – лекционные занятия.

5. Объем дисциплины (модуля) составляет 7 з.е., в том числе 64 академических часа, отведенных на контактную работу обучающихся с преподавателем, 188 академических часов на самостоятельную работу обучающихся. -

6. Краткое содержание дисциплины (аннотация):

Базовый лекционный курс, создающий у студентов теоретическую основу для понимания основных методов и подходов, используемых в современной генной инженерии, а также формирующий практические навыки использования этих методов при решении конкретных научных задач. Лекционный курс сопровождается контролем усвоения материала (домашние задания и контрольные работы), а также дополняется большим практикумом по генной инженерии. В ходе курса студенты знакомятся с методами получения молекулярно-генетических конструкций и внесения изменений в них, с разными типами генетических векторов и их компонентами, а также узнают об использовании этих векторов для работы с клетками бактерий, дрожжей, растений и млекопитающих. В курсе также рассматриваются разные варианты ПЦР (включая количественные), методы получения рекомбинантных белков, способы создания молекулярных библиотек, основы методов высокопроизводительного секвенирования, разнообразные подходы для изучения белок-белковых и ДНК/РНК-белковых взаимодействий, методики оценки уровня экспрессии репортерных генов и способы их

использования для решения конкретных научных задач, методы визуализации внутриклеточных компонентов с помощью флуоресцентных белков и других меток, способы получения и применения ДНК/РНК-аптамеров, подходы для искусственного изменения уровня экспрессии индивидуальных генов (в том числе с помощью РНК-интерференции, CRISPRi и CRISPRa), современные методы редактирования генома (в том числе различные варианты CRISPR/Cas-опосредованных методик) и получения трансгенных организмов (включая млекопитающих). В цели курса входит научить студентов практическим навыкам проектирования молекулярно-генетических конструкций и разработке алгоритма их получения, выбору адекватных методов для решения современных научных задачи и дизайну соответствующих экспериментов.

Наименование и краткое содержание разделов и тем дисциплины, Форма промежуточной аттестации по дисциплине	Всего (часы)	В том числе			
		Контактная работа (работа во взаимодействии с преподавателем) Виды контактной работы, часы		Всего	Самостоятельная работа обучающегося, часы <i>(виды самостоятельной работы – эссе, реферат, контрольная работа и пр. – указываются при необходимости)</i>
		Занятия лекционного типа	Занятия семинарского типа		
3 КУРС (6 СЕМЕСТР)					
Введение в курс. Векторы и их элементы, работа с ДНК.	6	2		2	2
Ферменты для работы с ДНК.	10	2		2	4 (дом. задание №1)
ПЦР.	8	2		2	2
Обсуждение ДЗ №1. ПЦР (продолжение).	9	3		3	2
Мутагенез. «Практические хитрости».	10	2		2	4 (дом. задание №2)
Количественная ПЦР.	8	2		2	2
Обсуждение ДЗ №2. Библиотеки генов и кДНК, ферменты для них. RACE.	9	3		3	2
Рекомбинантные белки.	8	2		2	2
Рекомбинантные белки (продолжение).	10	2		2	4 (дом. задание №3)
Клонирование в дрожжах.	8	2		2	2

Двугибридная система.					
Обсуждение ДЗ №3. Разное (пептиды, белковый сплайсинг).	9	3		3	2
Секвенирование НК.	10	2		2	4
Контрольная работа №1.	6	2		2	2
Генная инженерия растений.	8	2		2	2
Разбор КР №1. Работа с клетками млекопитающих (общие положения).	8	2		2	2
Работа с клетками млекопитающих (элементы векторов, репортёры).	8	2		2	2
Работа с клетками млекопитающих (вирусные векторы).	8	2		2	2
Генетический нокаут и нокдаун. РНК- интерференция.	8	2		2	2
РНК-интерференция (продолжение). CRISPR/Cas.	8	2		2	2
Генно-инженерные подходы на уровне трансляции.	8	2		2	2
Генно-инженерные подходы на уровне трансляции (продолжение).	8	2		2	2
Белок-белковые взаимодействия.	8	2		2	2
Белок-НК взаимодействия. ChIP.	8	2		2	2
SELEX и аптамеры.	8	2		2	2
Gateway- клонирование. Микрочипы.	10	2		2	4
Контрольная работа №2.	6	2		2	4
Разбор КР №2. Устный мини-опрос.	8	3		2	2
Обобщающая лекция.	9	2		3	4

Коллоквиум (первая половина группы).	8	2		2	4
Коллоквиум (вторая половина группы).	8	2		2	2
Промежуточная аттестация - экзамен					4 <i>количество часов, отведенных на промежуточную аттестацию)</i>
Итого	144	64		64	80
4 КУРС (8 СЕМЕСТР) – КУРСОВАЯ РАБОТА					
Курсовая работа					102
Промежуточная аттестация - экзамен					6 <i>количество часов, отведенных на промежуточную аттестацию)</i>
Итого	108				108
Итого	252	64		64	188

7. Фонд оценочных средств (ФОС) для оценивания результатов обучения по дисциплине.

7.1. Типовые контрольные задания или иные материалы для проведения текущего контроля успеваемости.

Пример варианта заданий для Контрольной работы №1:

1. В изображенном на схеме векторе клонирован ген X, который экспрессируется в E.coli в виде fusion-белка с N-концевым доменом продукта гена Y. Как удалить участок гена Y, чтобы эффективно продуцировался белок X (без довесков)? Какие ферменты вы будете использовать? Напишите нуклеотидную последовательность, которая получится в результате ваших действий. Инициаторные кодоны генов X и Y подчеркнуты. Сайты рестрикции, которые вы найдете на схеме, считайте уникальными.

PT7 –ATTTAGGAGAATTCATAATG - Y – CCSTTTCTCTCTCACACCATG GAC AAT ...

2. Вы хотите клонировать ген X в экспрессионный вектор Y, чтобы продуцировать гексагистидиновое производное белка X (и только его!)

EcoRI SphI NcoI PstI HindIII
 P–RBS–(6xHis) GAA TTC AGC ATG CCG ACC ATG GTT CTG CAG AAG CTT
 Вектор Y

Напишите нуклеотидные последовательности двух праймеров, которые вы будете использовать для амплификации гена X с помощью ПЦР. Вычислите температуру отжига при ПЦР.

Ген X

TCTAAACTGCAGCCAAGGAGGTACATC ATG CCA TAT CAC.....
CCA TAG TAAACGAAGCTTGCAGAATTCAT

(белок-кодирующая часть подчеркнута).

P – промотор;

RBS - последовательность Шайн-Дальгарно и инициаторный кодон;

6xHis – последовательность ДНК, кодирующая (His)₆.

3. Вы исследуете взаимодействие белков А и В с помощью двугибридной системы. Две плазмиды кодируют «fusion» белки: А слит с ДНК-связывающим доменом активатора GAL4, а В слит с его активирующим доменом. Вы трансформировали этими плазмидами клетки дрожжей, в которых репортерный ген lacZ находится под контролем Gal-промотора. Выросли клоны, синеющие при обработке X-gal. Кроме взаимодействия А и В, это может объясняться еще тремя причинами:

1) А активирует транскрипцию;

2) В связывается с UASGAL;

3) В связывается с ДНК-связывающим доменом GAL4.

Какие контрольные эксперименты надо поставить, чтобы исключить три последние возможности?

4. При ПЦР используют концентрацию каждого из dNTP 0.2 мМ. Объем реакционной смеси 100 мкл. Каков максимальный теоретически возможный выход фрагмента ДНК (в мкг)? Средний MW дезоксирибонуклеотида 325 D.

Все варианты заданий (37 штук) прилагаются в отдельном файле.

Пример варианта заданий для Контрольной работы №2:

1. С какой целью продуцируют «фьюжн» белки (слитные белки) в клетках эукариот? Приведите все известные вам системы.

2. Критерии выбора последовательности-мишени для интерференции РНК.

Все варианты заданий (47 штук) прилагаются в отдельном файле.

Примеры вопросов для коллоквиума:

- Как закольцевать плазмиду, порезанную разноимёнными эндонуклеазами рестрикции?

- Вы клонируете ПЦР-продукт, наработанный с использованием Taq-полимеразы, в вектор, линейаризованный эндонуклеазой рестрикции SmaI (GGG|CCC). Какие действия Вам нужно предпринять, чтобы получить правильный клон и чтобы выход клонов со вставкой был максимальным?

- О чём нужно позаботиться, чтобы с данного AUG-кодона стал набираться белок (а) при экспрессии в бактерии; (б) при экспрессии в клетках млекопитающих?

- Какие репортерные гены Вам известны?

- Приведите примеры использования «фьюжн»-белков из разных разделов курса.

- Какие компоненты необходимо ввести в клетку, чтобы осуществить нокаут с помощью системы CRISPR/Cas с использованием HDR?

- Для чего используется метод pull-down? Какие контроли необходимы, чтобы избежать получения ложноположительных результатов?

- Изучаемый Вами ген экспрессируется в мочевом пузыре мыши. Генетический нокаут по этому гену приводит к гибели новорожденных мышат из-за недоразвития мочевого пузыря. Предложите подход, который позволит Вам изучить роль этого гена в мочевом пузыре взрослых особей методом генетического нокаута.

- Как получить эквимольное соотношение двух белковых продуктов при экспрессии в клетках млекопитающих?

- Вы получили изогенную линию клеток, содержащих вставку ретровирусной конструкции. Предложите подход, который поможет Вам определить конкретное место в геноме, в которое встроилась конструкция?

- В каких клетках может происходить транскрипция ретровирусного вектора?

- Откуда в клетках, инфицируемых ретровирусным вектором (псевдовирусными частицами), берётся ревертаза?

- Какие примеры внутримолекулярной белковой комплементации Вы можете назвать?
- Для РНК-интерференции в клетках беспозвоночных части используют длинные двуцепочечные РНК, соответствующие нужному гену. А что обычно используют для клеток млекопитающих и почему?
- Промоторы бактериофага T7 часто используется для экспрессии генов в клетках *E.coli*. Откуда в бактериях берётся РНК-полимераза, которая будет узнавать такие промоторы? Весь список вопросов прилагается в отдельном файле.

7.2. Типовые контрольные задания или иные материалы для проведения промежуточной аттестации.

Вопросы к экзамену:

1. Общие принципы манипуляций с нуклеиновыми кислотами и белками: стабильность, элементарные принципы выделения и очистки ДНК. Понятие вектора, необходимые свойства векторов, их виды. Клонирование в бактериальных клетках. Плазмиды. Ориджины репликации. Селективные и генетические маркеры. Полилинкер. Трансформация, компетентные клетки. Бело-голубая селекция. Методы отбора правильных клонов. Саузерн, нозерн и вестерн блоты, гибридизация колоний.
2. Ферменты, используемые в генной инженерии. Эндонуклеазы рестрикции трёх типов, изоизомеры и гетероизомеры, буферы, фактор метилирования. ДНК-полимераза I *E.coli*, фрагмент Клёнова, T4 ДНК-полимераза. Нуклеаза S1. 5'-фосфат/-ОН, полинуклеотидкиназа (T4 РНК), фосфатаза (щелочная CIAP или др.) ДНК-лигаза (T4 и др.) Адаптеры. 5'-экзонуклеаза, сборка по Гибсону.
3. ПЦР. Конструирование праймеров (длина, температура отжига, требования к последовательности). Ферменты (Taq-полимераза, Pfu-полимераза, Pfu-Turbo, Phusion, обратная транскриптаза). Требования к ДНК-матрице, концентрации компонентов. Требования по чистоте. Условия денатурации, отжига и элонгации; правильное число циклов. Приборы для ПЦР: «горячая крышка», градиент. Специфические виды ПЦР: RT-PCR (общие принципы, в т.ч. RACE), «инвертированная» (inverse) ПЦР, асимметричная ПЦР, «вложенная» (nested) ПЦР. Принципы количественной ПЦР (real-time, «цифровая» (droplet digital) ПЦР).
4. Применение ПЦР для случайного и сайт-направленного мутагенеза (точный, делеционный, инсерционный). «Практические хитрости» при молекулярном клонировании: введение сайтов рестрикции, борьба с последствиями недорестрикции, использование неуникальных сайтов, DpnI, метод мегапраймера и т.п.
5. Количественная ПЦР: особенности real-time PCR. Иммуно-ПЦР.
6. Библиотеки генов. Размер библиотеки. Расщепление геномов на фрагменты для конструирования библиотек. Векторы (на основе фага лямбда, космиды, YAC'и, BAC'и) их емкость, особенности работы с ними. Прогулка по хромосоме.
7. Получение рекомбинантных белков в бактериальных клетках. Используемые промоторы (lac, T5, T7). Превращение конститутивных промоторов в индуцибельные. Способы борьбы с подтеканием промотора. Проблемы с наработкой эукариотических белков в бактериальной системе, тельца включения, оптимизация экспрессии. Тэги (6xHis, GST, ZZ), сайты специфичных протеаз. Выделение и очистка рекомбинантных белков в нативных и денатурирующих условиях. Ренатурация белков.
8. Библиотеки кДНК (конструирование, нормализация, размер). Ферменты (RT, РНКазы H, TAP, CIAP, TdT, DSN). 5' RACE, 3' RACE, cap switching, методы обогащения полноразмерными кДНК. Методы скрининга библиотек. Вычитающая гибридизация. Амплификация библиотек. Библиотеки для секвенирования NGS. РНК-лигаза 1 и РНК-лигаза 2, преаденилированные адаптеры.
9. Экспрессия генов в клетках дрожжей. Виды дрожжевых векторов. Ориджины репликации. Селективные маркеры. Дрожжевые промоторы. Индуцибельные системы. Дрожжевая

- двугибридная система. Одногибридная, тригибридная, обратная двугибридная система. Необходимые контроли.
10. Трансдуцирующие пептиды, их применение. Белковый сплайсинг (механизм, использование для получения рекомбинантных белков). SNAP-tag.
 11. Секвенирование НК. Принцип метода Максама-Гилберта. Метод Сэнгера и его модификация для автоматического секвенирования с использованием флуоресценции. Современные методы высокопроизводительного секвенирования: принципы, преимущества и недостатки систем 454, Ion Torrent, Illumina, SOLiD. Принципы NGS третьего поколения: Helicos, SMRT, Oxford Nanopore).
 12. Экспрессия генов в клетках млекопитающих. Особенности культивирования клеток млекопитающих, клеточные линии. Методы введения ДНК (химические: липокатионная, полиэтилениминная, кальцийфосфатная; физические: электропорация, магнит-опосредованная, бомбардировка, микроинъекция; вирусы). Транзитная экспрессия. Промоторы и индуцибельные системы. Селективные маркеры. Репортерные гены (в т.ч. люциферазы и флуоресцентные белки), эпитопы. Исследование внутриклеточной локализации белков.
 13. Виды вирусных векторов. Представление об эпизомных векторах, векторах на основе аденовирусов, EBV и SV40. Представление об AAV (достоинства и недостатки). Преимущества ретровирусных и лентивирусных векторов. Ретровирусные векторы (конструирование, получение вирусных частиц, инфекция). Расширение круга хозяев. Самоинактивирующиеся ретровирусные векторы. Дополнительные преимущества лентивирусных векторов.
 14. Получение стабильных клеточных линий, экспрессирующих трансген. Системы введения трансгенов в клетки млекопитающих, основанные на гомологичной и на сайт-специфической рекомбинации, транспозонные системы для knock-in. Негативная и позитивная селекция. Сайленсинг трансгена и понятие «Safe Harbor». Нокаутирование генов. Получение трансгенных животных. iPSC и получение межвидовых химер на основе введения стволовых клеток в бластоцист. Cre-lox и условный нокаут.
 15. Факторы, влияющие на эффективность трансляции в клетках прокариот и эукариот. Получение искусственных РНК с помощью T7 РНК-полимеразы. IRES-элементы. Метод бицистронных конструкций и связанные с ним артефакты. 2A-пептиды. Продукция секретлируемых белков. Метод toe-printing. Рибосомный дисплей. Флуоресцентное мечение методом BONCAT. Рибосомный профайлинг. N-end rule.
 16. Интерференция РНК. Преимущества и недостатки генетического нокаута по сравнению с нокаутом. Механизмы РНК-интерференции: siRNA, miRNA и piRNA; RISC; процессинг siRNA. Использование в клетках млекопитающих, способы получения siRNA и shRNA, дизайн и критерии выбора последовательности-мишени. Промоторы для экспрессии shRNA. Источники артефактов и необходимые контроли.
 17. Представление о системе TALENs. Система CRISPR/Cas: происхождение, принципы работы, использование на практике. Варианты и модификации (NHEJ и HDR, никирующие Cas, ssDNA). Использование TALENs и CRISPR/Cas для нокаута, модулирования экспрессии (CRISPRi, CRISPRa) и визуализации положения гена. CRISPR-скрининг.
 18. Gateway клонирование. Принципы подхода. Att-участки и узнающие их ферменты. Основные стадии клонирования. Векторы: Entry, Destination, Donor. Способы селекции.
 19. SELEX. Создание рандомизированных библиотек. Получение РНК и ДНК аптамеров. Методы селекции, количество циклов, тестирование, применение. Методы визуализации мРНК в клетке (FISH, прямое мечение, MS2-GFP и BiFC-подход, аптамеры Spinach и Broccoli).
 20. Микрочиповые технологии. Методы изготовления микрочипов (включая сочетание ступенчатого олигонуклеотидного синтеза и фотолитографии). Определение профилей экспрессии генов (кДНК чипы и чипы Affimetrix). Генотипирование. Детекция

- амплификации генов и делеций фрагментов хромосом. Виды и способы получения белковых микрочипов. Методы ChIP-on-chip, ДНК-программируемый белковый чип.
21. Методы изучения белок-белковых взаимодействий. Анализ баз данных. Коиммунопреципитация: «белок А» золотистого стафилококка, анализ специфичности и опосредованности взаимодействия, необходимые контроли. Pull-down: использование тэгированных белков, BrCN-активированная сефароза, принцип тандем-специфической очистки (TAP). AviTag и биотин-лигаза BirA. BirA*, BioID. Верификация взаимодействий *in vitro*, Far-Western, мечение рекомбинантного белка с помощью РКА. Методы комплементации фрагментов (BiFC и другие примеры). Представление о методе FRET.
22. Методы изучения ДНК-белковых и РНК-белковых взаимодействий. Методы, основанные на ChIP: ChIP, X-ChIP, ChiA-PET. Методы iCLIP и PAR-CLIP. Способы введения биотина в молекулы РНК и белков. Стрептавидин, авидин и NeutrAvidin. «Расширяемые» линкеры в РНК. Аптамеры к биотину и белкам boxB и MS2. Методы изучения комплексов НК с белками: EMSA и SHAPE.
23. Генная инженерия растений. Способы ведения чужеродных генов в растения. Агробактериальное заражение и трансформация растений. Ti-плазмида. T-ДНК: что кодирует и как образуется? Белки вирулентности. Бинарные векторы. Селективные маркеры. Получение и анализ трансгенных растений. Вирусные векторы. Сайленсинг. Свойства трансгенных растений.

Шкала и критерии оценивания результатов обучения по дисциплине.

Результаты обучения	«Неудовлетворительно»	«Удовлетворительно»	«Хорошо»	«Отлично»
Знания: методы и подходы генной инженерии, необходимые для получения молекулярно-генетических конструкций и внесения изменений в них, а также для работы с ними в клетках бактерий, дрожжей, растений и млекопитающих; типы векторов, их компоненты; разные варианты ПЦР (включая количественные); методы получения молекулярных библиотек и высокопроизводительного секвенирования; методы получения	Знания отсутствуют	Фрагментарные знания	Общие, но не структурированные знания	Сформированные систематические знания

<p>рекомбинантных белков; методы искусственного изменения уровня экспрессии генов (в том числе с помощью РНК-интерференции); методы изучения белок-белковых и ДНК/РНК-белковых взаимодействий; оценки уровня экспрессии репортерных генов и их использования для конкретных научных задач; методы визуализации внутриклеточных компонентов с помощью флуоресцентных белков и других меток; способы получения и применения ДНК/РНК-аптамеров; современные методы редактирования генома (включая CRISPR/Cas) и получения трансгенных организмов (включая млекопитающих)</p>				
<p>Умения: осуществить дизайн молекулярно-генетической конструкции под конкретную задачу и разработать алгоритм её</p>	<p>Умения отсутствуют</p>	<p>В целом успешное, но не систематическое умение</p>	<p>В целом успешное, но содержащее отдельные пробелы умение (допускает неточности непринципиального характера)</p>	<p>Успешное и систематическое умение</p>

получения; выбрать адекватный метод для решения научной задачи и предложить дизайн соответствующих экспериментов				
Владения: практическими навыками проектирования молекулярно- генетических конструкций и всеми нюансами вышеперечислен ных методик.	Навыки владения отсутствуют	Наличие отдельных навыков (наличие фрагментарного опыта)	В целом, сформированн ые навыки (владения), но используемые не в активной форме	Сформирован ные навыки (владения), применяемые при решении задач

8. Ресурсное обеспечение:

- Перечень основной и дополнительной литературы
 1. Щелкунов С.Н. Генетическая инженерия. Сибирское университетское издательство. Новосибирск 2010.
 2. Глик Б., Пастернак Дж. Молекулярная биотехнология. М. Мир, 2002.
 3. Современные обзоры из научных журналов молекулярно-биологического профиля (*BioTechniques*, *Nature Methods* и т.д.)
- Перечень лицензионного программного обеспечения (при необходимости): обязательного - нет, по желанию – программа SnapGene (для самостоятельного изучения)
- Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем: нет
- Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» (при необходимости):
 1. Веб-сайты производителей высокотехнологичных наборов для молекулярной биологии (New England Biolabs, Promega, Evrogen, Qiagen и др.)
 2. Программа WebCutter 2.0.
- Описание материально-технического обеспечения: стандартное презентационное оборудование, доска.