

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

**Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования «Российский национальный исследовательский медицинский
университет имени Н.И. Пирогова»**

**Министерства здравоохранения Российской Федерации
ФГАОУ ВО РНИМУ им Н.И.Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)**

Институт биомедицины (МБФ)

УТВЕРЖДАЮ

Директор Института

Прохорчук Егор Борисович

**Доктор биологических наук,
Член-корреспондент
Российской академии наук**

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Б.1.В.В.02.02 Молекулярная биология
для образовательной программы высшего образования - программы Магистратуры
по направлению подготовки (специальности)
12.04.04 Биотехнические системы и технологии
направленность (профиль)
Медицинская геномика и эпигеномика

Настоящая рабочая программа дисциплины Б.1.В.В.02.02 Молекулярная биология (далее – рабочая программа дисциплины) является частью программы Магистратуры по направлению подготовки (специальности) 12.04.04 Биотехнические системы и технологии. Направленность (профиль) образовательной программы: Медицинская геномика и эпигеномика.

Форма обучения: очная

Составители:

№	Фамилия, Имя, Отчество	Учёная степень, звание	Должность	Место работы	Подпись
---	---------------------------	------------------------------	-----------	--------------	---------

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена на заседании кафедры (протокол № _____ от «___» _____ 20__).

Рабочая программа дисциплины рекомендована к утверждению рецензентами:

№	Фамилия, Имя, Отчество	Учёная степень, звание	Должность	Место работы	Подпись
---	---------------------------	------------------------------	-----------	--------------	---------

Рабочая программа дисциплины рассмотрена и одобрена советом института Институт биомедицины (МБФ) (протокол № _____ от «___» _____ 20__).

Нормативно-правовые основы разработки и реализации рабочей программы дисциплины:

1. Общая характеристика образовательной программы;
2. Учебный план образовательной программы;
3. Устав и локальные акты Университета.

© Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова» Министерства здравоохранения Российской Федерации.

1. Общие положения

1.1. Цель и задачи освоения дисциплины

1.1.1. Цель.

ознакомить студентов с современным состоянием науки «Молекулярная биология», дать знания о фундаментальных понятиях молекулярной биологии и их значении для медицины и методах молекулярной генетики, используемых для анализа генома человека при выполнении задач в области медицинской геномики, воспитать у них навыки анализа медико-биологические социально-значимые проблемы с точки зрения лежащих в их основе молекулярных процессов, способность использовать на практике методы молекулярно-биологических исследований, сформировать у студентов современное естественно-научное мировоззрение на основе знания механизмов передачи и реализации генетической информации для дальнейшего проведения лечебно-диагностической, медико-просветительской, научно-исследовательской, научно-методической, педагогической деятельности с целью сохранения и обеспечения здоровья населения, улучшения его качества

1.1.2. Задачи, решаемые в ходе освоения программы дисциплины:

- Сформировать навыки проведения молекулярно-генетических исследований, таких как полимеразная цепная реакция, матричное генотипирование, методы секвенирования
- Сформировать навыки экспериментальной аналитики, способности проводить интерпретацию получаемых экспериментальных данных, поиска эффективного решения проблем и оптимизации проведения молекулярно-генетических экспериментов, контроля качества проведения экспериментов и соблюдение биологической безопасности
- Формирование у студентов представлений о патологических состояниях как результате нарушения молекулярных механизмов внутриклеточных процессов
- Ознакомление студентов с основными технологиями структурного и функционального анализа биополимеров, включая компьютерные программы и алгоритмы исследования нуклеотидных и белковых последовательностей

1.2. Место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина «Молекулярная биология» изучается в 1 семестре (ах) и относится к части, формируемой участниками образовательного процесса, блока Б.1 дисциплины. Является дисциплиной по выбору.

Общая трудоемкость дисциплины составляет 4.0 з.е.

Для успешного освоения дисциплины настоящей обучающиеся должны освоить, в рамках образовательных стандартов полного среднего образования, следующие дисциплины: Иностранный язык; Молекулярная и клеточная генетика; Общая и медицинская генетика; Медицинская биохимия; Перевод профессиональной литературы.

Для успешного освоения настоящей дисциплины обучающиеся должны освоить следующие дисциплины: Биохимия; Проектно-конструкторская практика; Информатика.

Знания, умения и опыт практической деятельности, приобретенные при освоении настоящей дисциплины, необходимы для успешного освоения дисциплин: Методы постгеномных исследований; Системная биология; Спецглавы геномики; Патентование в области медицины и биотехнологии.

Знания, умения и опыт практической деятельности, приобретенные при освоении настоящей дисциплины, необходимы для успешного прохождения практик: Преддипломная практика; Научно-исследовательская работа.

1.3. Планируемые результаты освоения дисциплины

Семестр 1

Код и наименование компетенции	
Код и наименование индикатора достижения компетенции	Планируемые результаты освоения дисциплины (модуля)
ПК-1 Способен творчески использовать в научной деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры при исследованиях и разработке методов клеточной и генной терапии	
ПК-1.ИД1 Использует в профессиональной деятельности фундаментальные и прикладные разделы дисциплин, представленных в программе магистратуры для исследования молекулярно-генетических механизмов патогенеза заболеваний.	Знать: основы молекулярной генетики, необходимые для использования методов молекулярно-генетического анализа в исследованиях механизмов патогенеза заболеваний
	Уметь: использовать методы молекулярно-генетического анализа для исследования механизмов патогенеза заболеваний, диагностики и персонализированного подхода к лечению
	Владеть практическим опытом (трудовыми действиями): работы с современным лабораторным оборудованием общего назначения, а также специализированными приборами для молекулярно-генетических исследований (амплификаторы, приборы для электрофоретического разделения биомолекул, секвенаторы различных типов и т.п.)

2.Формы работы обучающихся, виды учебных занятий и их трудоёмкость

Формы работы обучающихся / Виды учебных занятий / Формы промежуточной аттестации		Всего часов	Распределение часов по семестрам
			1
Учебные занятия			
Контактная работа обучающихся с преподавателем в семестре (КР), в т.ч.:		72	72
Лекционное занятие (ЛЗ)		12	12
Лабораторно-практическое занятие (ЛПЗ)		60	60
Самостоятельная работа обучающихся в семестре (СРО), в т.ч.:		52	52
Подготовка к учебным аудиторным занятиям		52	52
Промежуточная аттестация (КРПА), в т.ч.:		4	4
Зачет (З)		4	4
Общая трудоемкость дисциплины (ОТД)	в часах: ОТД = КР+СРО+КРПА+СРПА	128	128
	в зачетных единицах: ОТД (в часах)/32	4.00	4.00

3. Содержание дисциплины

3.1. Содержание разделов, тем дисциплины

1 семестр

№ п/п	Шифр компетенции	Наименование раздела (модуля), темы дисциплины	Содержание раздела и темы в дидактических единицах
Раздел 1. Нуклеиновые кислоты			
1	ПК-1.ИД1	Тема 1. Структура нуклеиновых кислот (отличие ДНК и РНК)	Первичная структура нуклеиновых кислот. Нуклеотиды - мономеры нуклеиновых кислот. Пуриновые и пиримидиновые основания; кетонольная таутомерия. Сахарный компонент нуклеотида; С'2-эндо- и С'3-эндо-конфигурации пентоз. Нуклеозиды; N-гликозидная связь, син- и анти-конформации. Нуклеотиды – фосфорные эфиры нуклеозидов. Различные типы нуклеотидов: нуклеозид-5' (или 3')-монофосфаты; дифосфаты; трифосфаты. Макроэргические связи между альфа- и бета-фосфатами, между бета- и гамма-фосфатами. Нейтрализация отрицательно заряженных фосфатных групп ионами металлов. Межнуклеотидные 5'-3'-фосфодиэфирные связи. Полярность линейной связи. Строение полинуклеотидной цепи как неразветвленного полимера. Энзиматическая деградация нуклеиновых кислот. Экзонуклеазы и эндонуклеазы. ДНКазы и РНКазы. Макромолекулярная структура ДНК. Двойная спираль Уотсона – Крика. Принцип комплементарности и его биологическое значение. Реализация водородных связей и гидрофобных взаимодействий. Антипараллельные цепи с идентичным информационным содержанием. Регулярность структуры и кооперативность. Спирализация. Параметры спирали. Правоспиральные В- и А-формы ДНК; конформации углеводного

			остатка и нуклеозида в них. Левоспиральная Z-форма ДНК; перемежающиеся конформации углеводных остатков и нуклеозидов. Условия взаимопереходов между разными формами ДНК. Жесткость молекулы ДНК. Макромолекулярная структура РНК. Одноцепочечность РНК. Спирализация в РНК (вторичная структура). Внутрицепочечные комплементарные взаимодействия. 3'-эндо-конформация рибозы. А-форма спирали РНК. Длина и количество спиральных участков. Неканонические типы спаривания оснований. Петли, дефекты и внутренние петли шпилек РНК. Расчет вероятности шпилькообразования по минимальной свободной энергии. Филогенетический анализ вторичной структуры РНК. Третичная структура одноцепочечных РНК. Взаимодействие между спиральными участками. Структурные домены в РНК. Рентгеноструктурный анализ тРНК. Максимальный стэкинг. Третичные взаимодействия. Стабилизация ионами двухвалентных металлов. Вторичная структура рибосомных РНК
Раздел 2. Структура хроматина. Геном			
1	ПК-1.ИД1	Тема 1. Структура хроматина. Геном	Уровни организации хроматина. Понятие эу- и гетерохроматина. Структура нуклеосомы, гистоновые белки. Вариативные гистоны. Негистоновые белки. Доменно-петлевая структура. Архитектурные белки. 3-d геномика. Хромосомные особенности организации геномов: прокариот (оперонная структура), архей, эукариот (мобильные элементы, транспозоны), вирусные геномы (ДНК, РНК – содержащие). Сравнение геномов. Горизонтальный перенос генов
Раздел 3. Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК			
1	ПК-1.ИД1	Тема 1. Репликация. Репарация. Рекомбинация	Репликация ДНК – основа размножения живых организмов, передачи наследственных

свойств из поколения в поколение и развития многоклеточного организма из зиготы. Опыты Мезельсон-Сталь – доказательство полуконсервативного синтеза ДНК. Единица репликации – репликон. Единственный репликон бактерий и множество репликонов эукариот. Контроль репликации на уровне инициации. Размеры репликонов. Полуконсервативный механизм репликации. Точка начала репликации – участок связывания инициаторного белка. Ori C E.coli. ARS дрожжей. Репликативная вилка. Одно-и двунаправленная репликация. Дихотомическая репликация у бактерий. Репликация кольцевых двунитевых ДНК по схеме Кэрнса по типу «катящегося кольца», «разматывающегося рулона» и «D-петли». Принципы репликации ДНК. ДНК-полимеразы. Корректирующая 3'-5' экзонуклеазная активность ДНК-полимераз. Праймазы. Хеликазы. Дестабилизирующие белки. Участие топоизомераз. Прерывистый синтез ДНК. Ассиметрия репликационной вилки. Фрагменты Оказаки. ДНК-полимеразы E.coli – I (фермент Корнберга), II и III. Функции ДНК-полимераз в клетке E.coli. Детальная картина синтеза ДНК в репликативной вилке E.coli. Механизм обеспечения согласованного синтеза ведущей и отстающей цепи. Реплисома. Совместное действие ДНК-полимеразы I и РНКазы H. ДНК-лигаза и механизмы ее действия. Инициация репликации у E.coli. Репликация ДНК у эукариот. Пять эукариотических ДНК-полимераз. Ядерные альфа, бета-, дельта- и эпсилон-ДНК-полимеразы. Митохондриальная гамма-ДНК-полимераза. Высокопроцессивные репликазы ведущей (бета, эпсилон) и запаздывающей цепи

(альфа). Связывание ДНК-полимеразы дельта с ядерным антигеном пролиферирующих клеток (PCNA). Проблема репликации концов линейных ДНК хромосом (теломер). Построение теломер из коротких G-богатых повторов. Теломераза. Типы повреждений ДНК. Прямая репарация. Суицидальные белки. Репарация по типу BER и NER, отличия в механизмах. Наследственные заболевания, связанные с мутациями в белках репарации. MisMatch репарация. Репарация двуцепочечных разрывов: нехомологичное соединение концов (NHEJ) и гомологичная рекомбинация (HR). Обеспечение генетической изменчивости. Типы рекомбинации. Гомологичные молекулы ДНК. Гомологичная, или общая рекомбинация (кроссинговер). Эктопическая рекомбинация между гомологичными участками одного генома как частный случай гомологичной рекомбинации. Возникновение делеций, инверсий и дупликаций. Общая модель кроссинговера (модель Холидея). Резолвазы и белки, осуществляющие миграцию ветвления. Конверсия гена – коррекция гетеродуплекса по типу эксцизионной репарации. Общая рекомбинация у E.coli. Генетический контроль и молекулярный механизм. Функция главного рекомбинационного белка Rec A (продукт гена rec A). Основной путь рекомбинации у E. coli. Роль гомологичной рекомбинации. Мейотическая рекомбинация в профазе первого деления. Синаптонемный комплекс. Биологическое значение гомологичной рекомбинации. Рекомбинационная репарация. Вклад в генетическую изменчивость путем перекомбинации генов. Перестройки хромосом (в первую очередь дупликации) за счет эктопической рекомбинации.

			Возникновение новых генов за счет дивергенции. Мультигенные семейства. Онтогенетические перестройки генетического материала, участвующие в регуляции работы генов. Специализированные системы гомологичной рекомбинации. Сайт-специфическая рекомбинация. Участие сайт-специфичных изомераз типа I. Единственный случай сайт- специфической рекомбинации у многоклеточных животных – перестройки в иммуноглобулиновых ДНК у позвоночных, приводящие к перестройкам в ДНК. Другие типы рекомбинации без гомологии. Транспозиции: перемещение подвижных генетических элементов, содержащих гены транспозазы, в ДНК-мишени. Незаконная рекомбинация: соединение разорванных концов негомологичных молекул ДНК. Структурная организация некоторых подвижных элементов: IS-элементы и транспозоны, ретротранспозоны. Их повсеместная распространенность среди всех систематических групп живого мира. Их участие в инактивации и изменении активности генов, в «горизонтальном» переносе генов, в хромосомных перестройках. Общая схема рекомбинации при транспозициях. Основные механизмы транспозиций: репликативная транспозиция, перемещение ретротранспозонов.
Раздел 4. Транскрипция			
1	ПК-1.ИД1	Тема 1. Экспрессия генов. Процессинг первичных транскриптов. РНК-мир	Процессинг мРНК эукариот из гетерогенной ядерной РНК (гЯРНК). Кэпирование 5'-концевой области: повышение эффективности трансляции и защита транскрипта от деградации. Строение «кэпа». Расщепление и полиаденилирование 3'- области. Сигнал полиаденилирования. ПолиА-полимераза-фермент расщепления и полиаденилирования.

Деградация 3'-концевой области. Значение полиаденилирования для стабилизации транскрипта и его транспорта в цитоплазму. Регуляция экспрессии гена на стадии процессинга 3'-конца: наличие нескольких сигналов полиаденилирования. Процессинг 3'-конца транскриптов гистоновых генов с участием U7РНК. Альтернативный сплайсинг. Экзон-интронное строение кодирующей области предшественника мРНК эукариот. Сплайсинг экзонов. Правило сплайсинга. Фенилкетонурия и талассемия как результат нарушения сплайсинга. Механизм сплайсинга с образованием лассо-интрона. Сплайс(е)осома. Участие РНК-полимеразы II в процессинге гяРНК в ядре; ферменты экспирования и полиаденилирования как факторы элонгации. Высокая скорость распада гяРНК в ядре; присоединение РНК-связывающих белков и мяРНК. Механизм сплайсинга с участием нескольких мяРНК; пространственная структура взаимодействующих участков РНК обеспечивает катализ разрыва – воссоединения связей. Экспорт мРНК в цитоплазму после завершения сплайсинга. 5'-нетранслируемая лидерная область, открытая рамка считывания и 3'-нетранслируемая область зрелой мРНК. Значение нетранслируемых областей мРНК: присутствие регуляторных элементов матричной активности; определение времени жизни мРНК и ее внутриклеточной локализации. Регуляция экспрессии генов путем альтернативного сплайсинга. Образование тканеспецифических изоформ белка. Экономичное использование РНК-предшественника. Включение и выключение генов. Регулируемый белками каскад

процессов альтернативного сплайсинга, определяющий становление пола у дрозофил. Интроны как предшественники мРНК. Пересмотр понятия «один ген – один белок». Современное определение гена. Экзон-интронное строение кодирующей области предшественника мРНК эукариот. Сплайсинг экзонов. Правило сплайсинга. Фенилкетонурия и талассемия как результат нарушения сплайсинга. Механизм сплайсинга с образованием лассо-интрона. Сплайс(е)осома. Участие РНК-полимеразы II в процессинге гРНК в ядре; ферменты кэпирования и полиаденилирования как факторы элонгации. Высокая скорость распада гРНК в ядре; присоединение РНК-связывающих белков и мРНК. Механизм сплайсинга с участием нескольких мРНК; пространственная структура взаимодействующих участков РНК обеспечивает катализ разрыва – воссоединения связей. Экспорт мРНК в цитоплазму после завершения сплайсинга. 5'-нетранслируемая лидерная область, открытая рамка считывания и 3'- нетранслируемая область зрелой мРНК. Значение нетранслируемых областей мРНК: присутствие регуляторных элементов матричной активности; определение времени жизни мРНК и ее внутриклеточной локализации. Регуляция экспрессии генов путем альтернативного сплайсинга. Образование тканеспецифических изоформ белка. Экономичное использование РНК-предшественника. Включение и выключение генов. Регулируемый белками каскад процессов альтернативного сплайсинга, определяющий становление пола у дрозофил. Интроны как предшественники мРНК.

Пересмотр понятия «один ген – один белок».
Современное определение гена.
Трансплайсинг фрагментов РНК,
синтезированных на разных генах.
Миниэкзоны трипаносом и нематод.
Механизм трансплайсинга с участием Y-
интермедиата. Редактирование РНК.
Некоторые типы редактирования РНК.
Разрезание и подравнивание рРНК и тРНК
бактерий; участие рибозима. Процессинг
рРНК эукариот - метилирование рибозы,
образование рибонуклеопротеида,
расщепление по концам спейсеров.
Обнаружение интрона в 28S-рРНК
инфузории; сплайсинг. Механизм
самосплайсинга; интрон как рибозим.
Созревание тРНК эукариот: процессинг как у
прокариот, самосплайсинг.
Посттранскрипционное изменение
последовательности РНК. Системы
дезаминирования цитозина и аденина у
эукариот. Редактирование митохондриальных
и хлоропластных транскриптов растений.
Редактирование у трипаносоматид.
Процессинг мРНК эукариот из гетерогенной
ядерной РНК (гяРНК). Кэпирование 5'-
концевой области: повышение эффективности
трансляции и защита транскрипта от
деградации. Строение «кэпа». Расщепление и
полиаденилирование 3'- области. Сигнал
полиаденилирования. ПолиА-полимераза-
фермент расщепления и полиаденилирования.
Дегградация 3'-концевой области. Значение
полиаденилирования для стабилизации
транскрипта и его транспорта в цитоплазму.
Регуляция экспрессии гена на стадии
процессинга 3'-конца: наличие нескольких
сигналов полиаденилирования. Процессинг 3'-
конца транскриптов гистоновых генов с

участием U7РНК. Альтернативный сплайсинг. Экзон-интронное строение кодирующей области предшественника мРНК эукариот. Сплайсинг экзонов. Правило сплайсинга. Фенилкетонурия и талассемия как результат нарушения сплайсинга. Механизм сплайсинга с образованием лассо-интрона. Сплайс(е)осома. Участие РНК-полимеразы II в процессинге гяРНК в ядре; ферменты кэпирования и полиаденилирования как факторы элонгации. Высокая скорость распада гяРНК в ядре; присоединение РНК-связывающих белков и мяРНП. Механизм сплайсинга с участием нескольких мяРНК; пространственная структура взаимодействующих участков РНК обеспечивает катализ разрыва – воссоединения связей. Экспорт мРНК в цитоплазму после завершения сплайсинга. 5'-нетранслируемая лидерная область, открытая рамка считывания и 3'-нетранслируемая область зрелой мРНК. Значение нетранслируемых областей мРНК: присутствие регуляторных элементов матричной активности; определение времени жизни мРНК и ее внутриклеточной локализации. Регуляция экспрессии генов путем альтернативного сплайсинга. Образование тканеспецифических изоформ белка. Экономичное использование РНК-предшественника. Включение и выключение генов. Регулируемый белками каскад процессов альтернативного сплайсинга, определяющий становление пола у дрозофил. Интроны как предшественники мяРНК. Пересмотр понятия «один ген – один белок». Современное определение гена. Экзон-интронное строение кодирующей области предшественника мРНК эукариот. Сплайсинг

экзонов. Правило сплайсинга. Фенилкетонурия и талассемия как результат нарушения сплайсинга. Механизм сплайсинга с образованием лассо-интрона. Сплайс(е)осома. Участие РНК-полимеразы II в процессинге гяРНК в ядре; ферменты кэпирования и полиаденилирования как факторы элонгации. Высокая скорость распада гяРНК в ядре; присоединение РНК-связывающих белков и мяРНП. Механизм сплайсинга с участием нескольких мяРНК; пространственная структура взаимодействующих участков РНК обеспечивает катализ разрыва – воссоединения связей. Экспорт мРНК в цитоплазму после завершения сплайсинга. 5'-нетранслируемая лидерная область, открытая рамка считывания и 3'- нетранслируемая область зрелой мРНК. Значение нетранслируемых областей мРНК: присутствие регуляторных элементов матричной активности; определение времени жизни мРНК и ее внутриклеточной локализации. Регуляция экспрессии генов путем альтернативного сплайсинга. Образование тканеспецифических изоформ белка. Экономичное использование РНК-предшественника. Включение и выключение генов. Регулируемый белками каскад процессов альтернативного сплайсинга, определяющий становление пола у дрозофил. Интроны как предшественники мяРНК. Пересмотр понятия «один ген – один белок». Современное определение гена. Трансплайсинг фрагментов РНК, синтезированных на разных генах. Минизконы трипаносом и нематод. Механизм трансплайсинга с участием Y-интермедиата. Редактирование РНК.

			Некоторые типы редактирования РНК. Разрезание и подравнивание рРНК и тРНК бактерий; участие рибозима. Процессинг рРНК эукариот - метилирование рибозы, образование рибонуклеопротеида, расщепление по концам спейсеров. Обнаружение интрона в 28S-рРНК инфузории; сплайсинг. Механизм самосплайсинга; интрон как рибозим. Созревание тРНК эукариот: процессинг как у прокариот, самосплайсинг. Посттранскрипционное изменение последовательности РНК. Системы дезаминирования цитозина и аденина у эукариот. Редактирование митохондриальных и хлоропластных транскриптов растений. Редактирование у трипаносоматид.
Раздел 5. Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации			
1	ПК-1.ИД1	Тема 1. Генетический код. Трансляция. Посттрансляционные модификации.	Биосинтез белков как наиболее сложный и энергоемкий процесс реализации генетической информации, протекающий с высокой скоростью и точностью. Генетический код. Понятие кодона. Триплетность, вырожденность, неперекрываемость кода без запятых. Установление «универсального» кодового словаря (бактерии, цитоплазма эукариот). Терминаторные кодоны. Семьи кодонов. Различия между «универсальным» и митохондриальными генетическими кодами. Особенности митохондриального кода млекопитающих, дрозофилы, дрожжей, растений. Краткая характеристика митохондриальных геномов. Транспортные РНК. Понятие антикодона тРНК. Его расположение во вторичной и третичной структуре тРНК. Кодон-антикодоновые взаимодействия. Стереохимия кодон-антикодонового комплементарного комплекса.

Минорные нуклеотиды тРНК. Гипотеза нестрогого соответствия Крика: неоднозначное спаривание первого нуклеотида антикодона с третьим нуклеотидом кодона. Понятие трансляции. Транспортные РНК. Адапторная гипотеза Крика и ее доказательство. Изоакцепторные тРНК. Структура тРНК. Первичная структура: длина цепей, 3'-конец, «минорные» нуклеотиды, консервативные участки; вторичная структура: «клеверный лист», двуспиральные и односпиральные участки, каноническое и неканоническое спаривание оснований. Третичная структура: L-форма, влияние комплексообразования с аминоацил-тРНК-синтетазой. Дорибосомный этап белкового синтеза. Реакции аминоацилирования тРНК Аминоацил-тРНК-синтетазы: специфичность, разнообразие, субъединичная структура. Особенности эукариотических синтетаз. Специфичность аминоацилирования тРНК по отношению к аминокислоте и по отношению к тРНК. Структурная комплементарность тРНК и аминоацил-тРНК-синтетаз. Рибосомный этап трансляции. Стадии трансляции: инициация, элонгация и терминация. Последовательное считывание мРНК рибосомами. Полирибосомы. Рабочий (элонгационный) цикл рибосомы. Структура рибосомы. Прокариотический и эукариотический типы рибосом. Рибосомы митохондрий и хлоропластов. Рибосомные РНК. Значение рибосомной РНК. Виды рибосомных РНК. Рибосомные белки. Функциональные активности и функциональные участки рибосом. Элонгационный цикл рибосомы. Участие фактора элонгации в связывании тРНК. Последовательность событий и

молекулярные механизмы: перебор тРНК . Транспептидация. Транслокация. Участие фактора элонгации в транслокации. Пре- и посттранслокационное состояние рибосомы. Передвижение матрицы при транслокации. Модель динамической работы рибосомы в элонгационном цикле. Инициация трансляции. Иницирующие кодоны и их положение в мРНК про- и эукариот. Инициаторные тРНК и инициаторы трансляции. Белковые факторы инициации. Последовательность событий в процессе инициации у прокариот. Инициация трансляции у эукариот. Элонгация трансляции (факторы). Рост полипептидной цепи. Терминация трансляции. Про- и эукариотические белковые факторы терминации. Регуляция трансляции у прокариот. Регуляция трансляции у эукариот на стадии инициации. РНК-интерференция. Малые интерферирующие РНК и микроРНК. Взаимодействие рибосомы и растущего пептида с мембраной. Котрансляционный фолдинг. Участие шаперонов и гликохилирования в правильном сварачивании полипептидной цепи. Элонгация трансляции (факторы). Рост полипептидной цепи. Терминация трансляции. Про- и эукариотические белковые факторы терминации. Регуляция трансляции у прокариот. Регуляция трансляции у эукариот на стадии инициации. РНК-интерференция. Малые интерферирующие РНК и микроРНК. Взаимодействие рибосомы и растущего пептида с мембраной. Котрансляционный фолдинг. Участие шаперонов и гликохилирования в правильном сварачивании полипептидной цепи. Котрансляционные модификации белка: деформирование, диметионирование,

			отщепление N- концевой последовательности, тиол-дисульфидный обмен (образование дисульфидных связей), N-гликозилирование, гидроксилирование. Роль гликозилирования в фолдинге белка и активности ферментов. Убиквитинилирование и сумоилирование белков. Время полужизни белка. Работа протеосомы. Липидирование белков, участие в везикулярном транспорте. Транспорт белков в различные компартменты эукариотической клетки. Методические подходы для изучения транспорта белков в различные компартменты клетки. Сигнальная гипотеза транспорта белков в клетке. Метилирование и ацетилирование. Репрессия и активация хроматина.
Раздел 6. Механизмы реализации генетической информации на уровне генома			
1	ПК-1.ИД1	Тема 1. Эпигенетика. Геномный импринтинг.	Консенсусное определение эпигенетики как науки о стабильно наследуемом фенотипе, возникающем в результате изменения в хромосомах без изменений последовательности ДНК. Три краеугольных эпигенетических механизма: метилирование ДНК, модификация гистонов и РНК-интерференция. Механизм метилирования ДНК. Метилирование CpG-динуклеотидов, ДНК-метилтрансферазы. CpG-островки и их характеристики. Роль метилирования ДНК в регуляции биологических процессов. Механизмы инактивации гена в результате метилирования промоторного и регуляторных районов. Метилсвязывающие белки. Характеристики эу- и гетерохроматина. Гистоновые белки. Гистоновый код – набор модификаций N-концевых областей гистоновых белков, определяющий функциональное состояние гена. Лизинные метилтрансферазы гистоновых белков. Метилирование гистонов H3 и H4 по остаткам

лизина – основная модификация гетерохроматина при крупномасштабной репрессии транскрипции. Метилирование лизина H3K9 как сигнал долговременной негативной регуляции транскрипции. Триметилирование лизина H3K4 – глобальная эпигенетическая метка эухроматина. Метилирование лизина H3K79 - препятствие образования гетерохроматиновых районов. Ацетилирование и деацетилирование гистонов как регуляция активации/инактивации генов. Ацетилазы и деацетилазы гистоновых белков. Метилирование гистонов, опосредованное метилированием ДНК, и метилирование ДНК, опосредованное метилированием гистонов. Фенотипические проявления мутаций гистоновых метилтрансфераз, гистоновых ацетилтрансфераз и деацетилтрансфераз и генов, вовлеченных в ремоделлинг хроматина. Заболевания, связанные с регуляцией хроматина. Эпигенетическое репрограммирование в цикле развития млекопитающих. Эпигенетика репрограммирования соматических клеток *in vitro*. РНК-интерференция в ядре. Метилирование CpG-островков промоторных районов генов посредством siRNA. Фенотипические проявления мутаций белков, осуществляющих процессинг miRNA. Практическое использование miRNA и siRNA как маркеров патологических процессов и в терапии широко распространенных заболеваний. Антисмысловые олигонуклеотиды для инактивации малых РНК, участвующих в патологических процессах. Геномный импринтинг - эпигенетический механизм регуляции экспрессии гомологичных генов в процессе развития организма в зависимости от

		родительского происхождения
--	--	-----------------------------

3.2. Перечень разделов, тем дисциплины для самостоятельного изучения обучающимися

Разделы и темы дисциплины для самостоятельного изучения обучающимися в программе не предусмотрены.

4. Тематический план дисциплины.

4.1. Тематический план контактной работы обучающихся с преподавателем.

№ п /п	Виды учебных занятий / форма промеж. аттестации	Период обучения (семестр) Порядковые номера и наименование разделов. Порядковые номера и наименование тем разделов. Темы учебных занятий.	Количество часов контактной работы	Виды контроля успеваемости	Формы контроля успеваемости и промежуточной аттестации			
					КП	ОУ	ОП	ЛР
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 семестр								
Раздел 1. Нуклеиновые кислоты								
Тема 1. Структура нуклеиновых кислот (отличие ДНК и РНК)								
1	ЛЗ	Структура нуклеиновых кислот (отличие ДНК и РНК)	2	Д	1			
2	ЛПЗ	Выделение препарата нуклеиновых кислот из буккального эпителия	4	Т	1			1
3	ЛПЗ	ПЦР. Обратная транскрипция и ПЦР в реальном времени. Методы обсчета данных ПЦР в реальном времени	4	Т	1	1	1	
Раздел 2. Структура хроматина. Геном								
Тема 1. Структура хроматина. Геном								
1	ЛЗ	Структура хроматина. Геном	2	Д	1			
2	ЛПЗ	Амплификация Alu-повторов, электрофорез в агарозном геле	4	Т	1			1
3	ЛПЗ	Метагеномы. Анализ метагеномных NGS данных секвенирования.	4	Т	1	1	1	
Раздел 3. Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК								
Тема 1. Репликация. Репарация. Рекомбинация								
1	ЛЗ	Репликация. Репарация. Рекомбинация	2	Д	1			

2	ЛПЗ	Генная инженерия. Освоение программы SnapGene. Клонирование гена мишени: рестрикция, лигирование	4	Д	1			
3	ЛПЗ	Генная инженерия. Выделение плазмидной ДНК. Рестриктивный анализ	4	Д	1			
4	ЛПЗ	Генная инженерия. Трансформация плазмидной ДНК клетки E.coli, приготовление компетентных клеток	4	Т	1			1
5	ЛПЗ	Рекомбинация. Формирование Т и В-клеточных рецепторов	4	Т	1	1	1	
6	ЛПЗ	Анализ репертуара Т-клеточных рецепторов	4	Т	1			1

Раздел 4. Транскрипция

Тема 1. Экспрессия генов. Процессинг первичных транскриптов. РНК-мир

1	ЛЗ	Экспрессия генов. Процессинг первичных транскриптов. РНК-мир	2	Д	1			
2	ЛПЗ	Анализ данных RNA-seq. Дифференциальная экспрессия генов	4	Д	1			
3	ЛПЗ	Анализ данных single-cell секвенирования	4	Т	1	1	1	

Раздел 5. Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации

Тема 1. Генетический код. Трансляция. Посттрансляционные модификации.

1	ЛЗ	Генетический код. Трансляция. Посттрансляционные модификации.	2	Д	1			
2	ЛПЗ	Структура белка. Использование компьютерных методов в анализе белковых последовательностей	4	Д	1			

3	ЛПЗ	Методы очистки белков. Выделение иммуноглобулинов с помощью аффинной хроматографии на протеин А сефарозе	4	Т	1			1
Раздел 6. Механизмы реализации генетической информации на уровне генома								
Тема 1. Эпигенетика. Геномный импринтинг.								
1	ЛЗ	Эпигенетика. Геномный импринтинг.	2	Д	1			
2	ЛПЗ	Редактирование генома. Использование биоинформатических ресурсов для подбора гидовых РНК	4	Д	1			
3	ЛПЗ	Методы молекулярной биологии для решения вопросов медицины (иммунология, онкология, аутоиммунные заболевания и тп.)	4	Д	1			

Текущий контроль успеваемости обучающегося в семестре осуществляется в формах, предусмотренных тематическим планом настоящей рабочей программы дисциплины.

Формы проведения контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся /виды работы обучающихся

№ п/п	Формы проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся (ФТКУ)	Виды работы обучающихся (ВРО)
1	Контроль присутствия (КП)	Присутствие
2	Опрос устный (ОУ)	Выполнение задания в устной форме
3	Опрос письменный (ОП)	Выполнение задания в письменной форме
4	Проверка лабораторной работы (ЛР)	Выполнение (защита) лабораторной работы

4.2. Формы проведения промежуточной аттестации

1 семестр

1) Форма промежуточной аттестации - Зачет

2) Форма организации промежуточной аттестации -Контроль присутствия, Опрос устный, Опрос письменный

5. Структура рейтинга по дисциплине

5.1. Критерии, показатели проведения текущего контроля успеваемости с использованием балльно-рейтинговой системы.

Рейтинг по дисциплине рассчитывается по результатам текущей успеваемости обучающегося. Тип контроля по всем формам контроля дифференцированный, выставляются оценки по шкале: "неудовлетворительно", "удовлетворительно", "хорошо", "отлично". Исходя из соотношения и количества контролей, рассчитываются рейтинговые баллы, соответствующие системе дифференцированного контроля.

1 семестр

Виды занятий		Формы текущего контроля успеваемости/виды работы		Кол-во контролей	Макс. кол-во баллов	Соответствие оценок рейтинговым баллам***				
						ТК	ВТК	Отл.	Хор.	Удовл.
Лабораторно-практическое занятие	ЛПЗ	Опрос устный	ОУ	4	308	В	Т	77	52	26
		Опрос письменный	ОП	4	308	В	Т	77	52	26
		Проверка лабораторной работы	ЛР	5	385	В	Т	77	52	26
Сумма баллов за семестр					1001					

5.2. Критерии, показатели и порядок промежуточной аттестации обучающихся с использованием балльно-рейтинговой системы. Порядок перевода рейтинговой оценки обучающегося в традиционную систему оценок

Порядок промежуточной аттестации обучающегося по дисциплине (модулю) в форме зачёта

По итогам расчета рейтинга по дисциплине в 1 семестре, обучающийся может быть аттестован по дисциплине без посещения процедуры зачёта, при условии:

Оценка	Рейтинговый балл
Зачтено	600

6. Фонд оценочных средств по дисциплине (модулю) для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации

1 семестр

Перечень вопросов для подготовки к промежуточной аттестации в форме зачёта

1. Геномный импринтинг - эпигенетический механизм регуляции экспрессии гомологичных генов в процессе развития организма в зависимости от родительского происхождения. гена, хромосомы или генома.
2. Эпигенотип (импринт). Импринтированный ген. Однородительская дисомия хромосом. Механизмы формирования однородительской дисомии у человека: комплементация гамет, коррекция моносомии до дисомии, соматическая рекомбинация.
3. Характерные черты импринтированных генов: кластеризация, консервативность импринтинга, асинхронность репликации ДНК импринтированных генов, онтогенетическая и тканевая регуляция импринтинга.
4. Эпигенетическая регуляция ранних этапов эмбриогенеза и эмбриональных стволовых клетках. Метилирование и деметилирование в процессе гаметогенеза. Деметилирование ДНК на ранних этапах эмбриогенеза.
5. Фенотипические проявления мутаций ДНК-метилтрансфераз и метилсвязывающих белков. «Бивалентная» структура хроматина в промоторных районах высоко консервативных генов – «низкий старт» для генов, участвующих в процессах дифференцировки эмбриональных стволовых клеток
6. ChIP-seq — метод анализа ДНК-белковых взаимодействий. CHIA-PET – позволяет выявить пространственно удаленные участки хроматина. Hi-C – метод позволяет выявить сближенные участки.
7. Система рестрикции-модификации у эубактерий. Ее значение для уничтожения чужеродной ДНК.
8. Системы рестрикции трех типов. Борьба бактериофагов с системами рестрикции хозяина. Методы редактирования генома: TALEN, Zn-finger, CRISPR. Механизмы этих процессов. Задачи, которые могут быть решены с помощью метода геномного редактирования, в чем состоят опасности применения этих методов.

7. Методические указания обучающимся по освоению дисциплины

Для подготовки к занятиям лекционного типа обучающийся должен
внимательно прочитать материал предыдущей лекции

Для подготовки к занятиям лекционного типа обучающийся должен
ознакомиться с учебным материалом по учебнику, учебным пособиям, а также электронным образовательным ресурсам с темой прочитанной лекции

Для подготовки к занятиям лекционного типа обучающийся должен
внести дополнения к полученным ранее знаниям

Для подготовки к занятиям лекционного типа обучающийся должен
записать возможные вопросы, которые следует задать преподавателю по материалу изученной лекции

Для подготовки к занятиям лабораторно-практического типа обучающийся должен
внимательно изучить теоретический материал по конспекту лекции, учебникам, учебным пособиям, а также электронным образовательным ресурсам

Для подготовки к занятиям лабораторно-практического типа обучающийся должен
выполнить письменную работу, если данное задание предусмотрено по дисциплине

Для подготовки к занятиям лабораторно-практического типа обучающийся должен
тщательно изучить и законспектировать методики проведения экспериментов

Для подготовки к занятиям лабораторно-практического типа обучающийся должен
проработать тестовые задания и ситуационные задачи, которые были рекомендованы для самостоятельного решения

При подготовке к зачету необходимо

изучить учебный материал по всем темам и (или) разделам дисциплины в семестре

Самостоятельная работа студентов (СРС) включает в себя

работу с учебной, учебно-методической литературой по теме (рекомендованные учебники, методические пособия, ознакомление с материалами, опубликованными на рекомендованных медицинских сайтах)

Самостоятельная работа студентов (СРС) включает в себя

работу с электронными образовательными ресурсами (дополнительные иллюстративно-информационные материалы, представленные на сайте кафедры), с конспектами обучающегося: чтение, изучение, анализ, сбор и обобщение информации, её конспектирование

Самостоятельная работа студентов (СРС) включает в себя

решение ситуационных задач и тестовых заданий

8. Учебно-методическое, информационное и материально-техническое обеспечение дисциплины

8.1. Перечень литературы по дисциплине:

№ п /п	Наименование, автор, год и место издания	Используется при изучении разделов	Количество экземпляров в библиотеке	Электронный адрес ресурсов
1	2	3	4	5
1	Молекулярная биология клетки: с задачами Д. Уилсона и Т. Ханта, Альбертс Б., 2013	Структура хроматина. Геном Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации Транскрипция Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	1	
2	Молекулярная биология клетки: руководство для врачей, Фаллер Д. М., Шилдс Д., 2014	Структура хроматина. Геном Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации Транскрипция Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	25	

3	Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии: [учебное пособие], Уилсон К., 2020	Структура хроматина. Геном Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Транскрипция Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	0	https://rsmu.informsystema.ru/uploader/fileUpload?name=92bn.pdf&show=dcatalogues/1/5059/92bn.pdf&view=true
4	Основы молекулярной биологии клетки, Альбертс Б., 2015	Структура хроматина. Геном Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации Транскрипция Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	55	
5	Гены по Льюину, Кребс Дж., Голдштейн Э., 2022	Структура хроматина. Геном Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации Транскрипция Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	0	https://rsmu.informsystema.ru/uploader/fileUpload?name=109bn.pdf&show=dcatalogues/1/5080/109bn.pdf&view=true

6	Молекулярная биология: Рибосомы и биосинтез белка, Спирин А. С., 2019	Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации	0	
7	Основы персонализированной медицины: медицина XXI века, Джайн К. О., Шарипов К. О., 2020	Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	0	https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785423503437.html
8	Cell Biology and Genetics, Stubbs M., Suleyman N., 2015	Структура хроматина. Геном Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Трансляция, структура белка, посттрансляционные модификации Транскрипция Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	1	
9	NGS. Высокопроизводительное секвенирование, Ребриков Д. В., 2020	Сохранение ДНК в ряду поколений и подходы к изучению ДНК Нуклеиновые кислоты Механизмы реализации генетической информации на уровне генома	0	https://rsmu.informsystema.ru/uploader/fileUpload?name=86bn.pdf&show=dcatalogues/1/5053/86bn.pdf&view=true

8.2. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», в том числе профессиональных баз данных, необходимых для освоения дисциплины (модуля)

1. <https://www.rsl.ru/> - Российская государственная библиотека
2. Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU <https://elibrary.ru/>
3. Биомолекула – научно-популярное интернет-издание - <https://biomolecula.ru/>
4. <http://mon.gov.ru> – сайт Минобрнауки РФ

5. <http://www.edu.ru/> – библиотека федерального портала «Российское образование» (содержит каталог ссылок на интернет-ресурсы, электронные библиотеки по различным вопросам образования)
6. <https://www.r-project.org/> (основной сайт R)
7. <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>
8. <https://genome.ucsc.edu>
9. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> - National Center for Biotechnology Information
10. <http://pfam.xfam.org/>
11. <http://prosite.expasy.org/>
12. Swiss Protein Databank <http://www.ebi.ac.uk/uniprot/>

8.3. Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), включая перечень программного обеспечения и информационных справочных систем (при наличии)

1. Автоматизированный информационный комплекс «Цифровая административно-образовательная среда РНИМУ им. Н.И. Пирогова»
2. Система управления обучением
3. Google Chrom, www.google.ru/intl/ru/chrom/browser/privacy/eula_text.html, (32 шт.), срок действия лицензии: бессрочно
4. Office Standard/ Professional Plus 2010 with SP1, дог. № 65164326 от 08.05.2015 (32 шт.), АО «СофтЛайн Трейд», срок действия лицензии: бессрочно
5. Adobe Acrobat
6. Statistica

8.4. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля)

Каждый обучающийся в течение всего периода обучения обеспечен индивидуальным неограниченным доступом к электронной информационно-образовательной среде университета из любой точки, в которой имеется доступ к информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» (далее - сеть «Интернет»), как на территории Университета, так и вне ее.

Электронная информационно-образовательная среда университета обеспечивает:

- доступ к учебному плану, рабочей программе дисциплины, электронным учебным изданиям и электронным образовательным ресурсам, указанным в рабочей программе дисциплины;

- формирование электронного портфолио обучающегося, в том числе сохранение его работ и оценок за эти работы.

Университет располагает следующими видами помещений и оборудования для материально-технического обеспечения образовательной деятельности для реализации образовательной программы дисциплины (модуля):

№ п /п	Наименование оборудованных учебных аудиторий	Перечень специализированной мебели, технических средств обучения
1	Аудитории для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оборудованная мультимедийными и иными средствами обучения	Стулья, Столы, Секвенатор с оборудованием для проведения генетических исследований, Лабораторная посуда, Амплификатор ПЦР, Дозаторы пипеточные на 2, 10, 200, 1000 мкл, Ноутбук, Проектор мультимедийный, Экран для проектора
2	Учебные аудитории для проведения промежуточной аттестации	Стулья, Столы
3	Помещения для самостоятельной работы обучающихся, оснащенные компьютерной техникой с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации	учебная мебель (столы, стулья), компьютерная техника с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду

Университет обеспечен необходимым комплектом лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения (состав определяется в рабочей программе дисциплины и подлежит обновлению при необходимости). Библиотечный фонд укомплектован печатными изданиями из расчета не менее 0,25 экземпляра каждого из изданий, указанных в

рабочей программе дисциплины, на одного обучающегося из числа лиц, одновременно осваивающих соответствующую дисциплину.

Обучающимся обеспечен доступ (удаленный доступ), в том числе в случае применения электронного обучения, дистанционных образовательных технологий, к современным профессиональным базам данных и информационным справочным системам, состав которых определяется в рабочей программе дисциплины и подлежит обновлению (при необходимости).

Обучающиеся из числа инвалидов обеспечены печатными и (или) электронными образовательными ресурсами в формах, адаптированных к ограничениям их здоровья.

Приложение 1
к рабочей программе
дисциплины (модуля)

Сведения об изменениях в рабочей программе дисциплины (модуля)

_____ для образовательной программы высшего образования – программы бакалавриата/специалитета /магистратуры (оставить нужное) по направлению подготовки (специальности) (оставить нужное) _____ (код и наименование направления подготовки (специальности)) направленность (профиль) « _____ » на _____ учебный год.

Рабочая программа дисциплины с изменениями рассмотрена и одобрена на заседании кафедры _____ (Протокол № _____ от « ____ » _____ 20 ____).

Заведующий кафедрой _____ (подпись)
_____ (Инициалы и фамилия)

Приложение 2
к рабочей программе
дисциплины (модуля)

Формы проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации

Формы проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации	Сокращённое наименование	
Контроль присутствия	Присутствие	КП
Опрос устный	Опрос устный	ОУ
Опрос письменный	Опрос письменный	ОП
Проверка лабораторной работы	Лабораторная работа	ЛР

Виды учебных занятий и формы промежуточной аттестации

Формы проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации	Сокращённое наименование	
Лекционное занятие	Лекция	ЛЗ
Лабораторно-практическое занятие	Лабораторно-практическое	ЛПЗ
Зачет	Зачет	З

Виды контроля успеваемости

Формы проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации	Сокращённое наименование	
Текущий дисциплинирующий контроль	Дисциплинирующий	Д
Текущий тематический контроль	Тематический	Т
Промежуточная аттестация	Промежуточная аттестация	ПА