

**Бюджетное учреждение высшего образования
Ханты-Мансийского автономного округа – Югры
«Сургутский государственный университет»**



Руководитель РМЦ ДОД
Е.С. Титаренко
«03» 03 2026 г.



Проректор по развитию
В.А. Безуевская
«03» 03 2026 г.

**Региональная сетевая
дополнительная общеобразовательная общеразвивающая программа
«Геномное редактирование»
(2 год обучения)**

Направленность: естественно-научная
Уровень освоения программы: углубленный (продвинутый)
Возраст учащихся: 15-17 лет (10-11 классы)
Срок реализации: 1 год
Объем 260 академических часов

г. Сургут, 2026 год

Авторы программы:

Безуевская Валерия Александровна, кандидат педагогических наук, доцент, проректор Сургутского государственного университета;

Казакова Галина Александровна, старший специалист центра поддержки пользователей ФГИС «Моя школа» Государственного университета просвещения;

Крайник Виктория Викторовна, к.х.н., старший преподаватель кафедры химии СурГУ;

Самойленко Зоя Анатольевна, к.б.н., доцент, преподаватель кафедры биологии и биотехнологии СурГУ;

Сарапульцева Екатерина Сергеевна, ассистент кафедры биологии и биотехнологии СурГУ;

Проворова Олеся Владимировна, старший преподаватель кафедры экологии и биофизики СурГУ;

Волохова Марина Анатольевна, старший преподаватель кафедры экологии и биофизики СурГУ.

Согласовано:

Руководитель Регионального модельного
центра дополнительного образования
детей Ханты-Мансийского автономного
округа – Югры

Е.С. Титаренко

1. Пояснительная записка

1.1. Актуальность программы

Программа напрямую связана с одной из сквозных технологий Стратегии научно-технологического развития РФ – использованием генетических данных и технологий. Развитие биотехнологий и, в частности, геномного редактирования определено в качестве приоритетного направления для обеспечения технологического суверенитета и национальной безопасности страны. Технологии геномного редактирования находятся на острие научного прогресса и формируют новый технологический уклад в биомедицине, сельском хозяйстве и промышленных биотехнологиях.

Специалисты в области генетических технологий и геномного редактирования относятся к профессиям будущего. Программа позволяет школьникам познакомиться с передовым направлением науки и определить свою профессиональную траекторию в перспективной области.

Геномное редактирование как одно из прорывных научных направлений привлекает внимание мотивированных школьников, ориентированных на построение успешной карьеры в наукоемких отраслях. Участие в профиле «Геномное редактирование» Национальной технологической олимпиады открывает дополнительные возможности для поступления в ведущие университеты страны на льготных условиях.

Программа кружка находится на стыке биологии, генетики, информатики и инженерии и способствует формированию у учащихся междисциплинарного мышления - ключевого навыка для решения комплексных задач современного мира. Интеграция «мокрой биологии» и биоинформатики отражает реальную практику работы современных биотехнологических лабораторий.

Программа целенаправленно развивает ключевые компетенции, необходимые для успешной самореализации в современном мире: проектное и критическое мышление, командная работа, исследовательские навыки.

1.2. Цель программы

Создание условий для углубленного освоения школьниками современных методов геномного редактирования и развития практических навыков в области молекулярной биологии и биоинформатики, успешного участия в Национальной технологической олимпиаде и профессионального самоопределения.

Задачи программы

1. Формирование способности планировать, проводить и интерпретировать эксперименты по геномному редактированию с

использованием современных молекулярно-биологических и биоинформатических методов.

2. Подготовка к решению задач финального этапа Национальной технологической олимпиады по профилю «Геномное редактирование».

3. Содействие профессиональному самоопределению школьников в области биотехнологий и генетической инженерии.

1.3. Отличительные особенности программы

1. **Адаптация передовых научных методов для школьного уровня** – программа делает доступными для учащихся 9-10 классов современные технологии и методы, которые обычно изучаются только в вузах или применяются в научно-исследовательских лабораториях (ПЦР, электрофорез, секвенирование, CRISPR/Cas системы). Сложные научные концепции адаптированы через понятные аналогии, визуализацию и пошаговые инструкции.

2. **Междисциплинарный интегративный подход** – программа объединяет молекулярную биологию, генетику, химию, биоинформатику и программирование, что отражает реальную научную практику.

3. **Сбалансированное сочетание теории и практики в логике научного исследования** – теоретические блоки непосредственно подкрепляются практическими работами, моделирующими реальный процесс научного исследования, а последовательность модулей отражает логику научного познания.

4. **Практико-ориентированность с фокусом на реальные научные задачи** – программа ориентирована на решение аутентичных исследовательских задач, таких как идентификация генетических последовательностей, определение эффективности геномного редактирования.

5. **Модульная структура с четкой таксономией образовательных результатов** – каждый модуль имеет четко обозначенные содержание, формирующие оценочные мероприятия и ожидаемые результаты обучения, что позволяет отслеживать прогресс учащихся и обеспечивать дифференцированный подход.

6. **Целенаправленная подготовка к Национальной технологической олимпиаде** – программа специально разработана для подготовки учащихся к профилю «Геномное редактирование» НТО, при этом не сводится к «натаскиванию», а формирует фундаментальное понимание принципов и методов геномного редактирования.

7. Развитие soft skills через проекты – программа целенаправленно развивает мягкие навыки через работу в исследовательских группах, презентацию результатов, планирование проектов и критический анализ научной информации.

1.4. Адресат программы

Программа предназначена для реализации в кружках, открытых на базе учреждений среднего общего или дополнительного образования.

Программа разработана для обучающихся в возрасте 15-17 лет (10-11 классы), завершивших обучение по программе 1 года обучения.

Наполняемость групп для занятий в школьном кружке – 15-25 человек.

1.5. Срок освоения программы и ее объем

Программа рассчитана на 260 академических часов на протяжении одного учебного года. Из них – 144 часа на базе кружка в учреждении среднего общего или дополнительного образования, 40 часов «Подготовка ко 2 этапу НТО», 40 часов «Подготовка к финалу НТО» – на базе Сургутского государственного университета (для участников, прошедших конкурсный отбор и ориентированных на участие в профиле «Геномное редактирование» Национальной технологической олимпиады), 36 часов онлайн (самостоятельная работа).

При необходимости педагог – наставник кружка может разработать 2 отдельные рабочие программы на 1 и 2 полугодие по 72 часа. Рекомендуемые названия программ: «Молекулярные основы редактирования генома: от химии до вирусологии», «Практикум по геномному редактированию: от диагностики к инженерии биосистем».

1.6. Форма и режим занятий

Занятия проводятся:

- по программе базового кружка в очном/онлайн формате – 4 академических часа в неделю;
- по программе образовательных интенсивов в очном формате – 6-8 акад. часов в день в течение 5 дней.

В каникулярные периоды занятия могут проводиться в базовом кружке в формате образовательного интенсива/хакатона.

Формы организации образовательного процесса предполагают проведение коллективных занятий (15-25 человек), малыми группами (4-6 человек) и индивидуально в формате консультаций при подготовке к участию в НТО.

1.7. Уровень освоения программы: углубленный (продвинутый)

1.8. Планируемые результаты

Предметные результаты 2-го года обучения

1. Объяснять химические основы функционирования биологических молекул, включая буферные растворы, полимеры и реакции, используемые в методах молекулярной биологии (*уровень: применение*).
2. Анализировать структурно-функциональные взаимосвязи биомолекул (белки, нуклеиновые кислоты, ферменты) в контексте процессов геномного редактирования (*уровень: анализ*).
3. Анализировать механизмы репликации, транскрипции, трансляции и регуляции экспрессии генов при исследовании структуры и функционирования геномов прокариот и эукариот. (*Уровень: анализ*).
4. Анализировать возможности применения вирусных и микробиологических систем для решения задач биотехнологии и генной инженерии (*уровень: анализ*).
5. Выполнять базовые методы молекулярной диагностики (выделение ДНК, ПЦР, электрофорез, секвенирование) для решения практических задач генетического анализа (*уровень: применение*).
6. Анализировать принципы работы систем геномного редактирования (CRISPR/Cas и других инструментов) при моделировании решения конкретных биотехнологических задач (*уровень: анализ*).
7. Применять основные конструкции языка Python для анализа биологических последовательностей и решения простых задач биоинформатики (*уровень: применение*).
8. Анализировать возможности применения биотехнологических методов и подходов для решения практических задач в медицине, сельском хозяйстве и промышленности (*уровень: анализ*).

Метапредметные результаты 2-го года обучения

Познавательные

1. Анализировать механизмы работы систем геномного редактирования.
2. Интегрировать знания из различных научных областей (биологии, химии, информатики) для решения комплексных задач геномного редактирования.
3. Оценивать применимость различных методов для анализа результатов геномного редактирования.

Регулятивные

1. Разрабатывать план эксперимента по геномному редактированию с учетом имеющихся ресурсов и ограничений.

2. Управлять собственной познавательной деятельностью при изучении сложных молекулярно-биологических процессов.

3. Осуществлять самоконтроль и взаимоконтроль при проведении лабораторных работ по молекулярной диагностике.

4. Прогнозировать результаты эксперимента по редактированию генома на основе теоретических знаний.

5. Корректировать стратегию решения задач по биоинформатике при получении новых данных.

Коммуникативные

1. Представлять результаты исследований в области геномного редактирования в формате научного доклада.

2. Аргументированно обсуждать этические аспекты применения технологий геномного редактирования.

3. Организовывать продуктивное взаимодействие в проектной группе при решении комплексных биотехнологических задач.

4. Вести научную дискуссию с использованием специализированной терминологии геномного редактирования.

5. Составлять отчеты о проведенных экспериментах в соответствии с требованиями научного стиля.

Работа с информацией

1. Осуществлять поиск и анализ научной информации о новейших достижениях в области геномного редактирования.

2. Визуализировать результаты биоинформатического анализа с помощью специализированных программных средств.

3. Интерпретировать данные секвенирования и рестрикционного анализа для оценки эффективности геномного редактирования.

4. Критически оценивать научные публикации в области геномного редактирования.

Личностные результаты 2-го года обучения

1. Ценностно-смысловые ориентации

– Оценивать этические аспекты применения технологий геномного редактирования.

– Формулировать собственную позицию относительно возможностей и рисков редактирования генома.

2. Профессиональное самоопределение

– Формулировать жизненные планы, связанные с возможным профессиональным развитием в области биотехнологий.

- Соотносить свои способности и интересы с требованиями профессий в сфере геномного редактирования.

3. Научно-исследовательская позиция

- Проявлять критическое мышление при анализе научной информации о геномном редактировании.
- Принимать ответственность за качество и достоверность получаемых экспериментальных данных.

4. Социальная ответственность

- Объяснять связь между развитием технологий геномного редактирования и решением общественно значимых проблем.
- Проявлять восприимчивость к проблемам, которые могут быть решены с помощью биотехнологий.

5. Саморазвитие и самообразование

- Проявлять инициативу в поиске дополнительной информации о современных достижениях в области геномного редактирования.
- Оценивать собственный прогресс в освоении программы и планировать дальнейшее развитие своих компетенций.

6. Коллаборативные навыки

- Демонстрировать готовность к продуктивной командной работе при решении комплексных задач.
- Принимать ответственность за общий результат в коллективных проектах по геномному редактированию.

7. Коммуникативная компетентность

- Проявлять уважительное отношение к оппонентам в научных дискуссиях.
- Корректно использовать научную терминологию при обсуждении вопросов геномного редактирования.

8. Экологическое мышление

- Оценивать потенциальные экологические последствия применения технологий геномного редактирования.
- Формулировать экологически ответственный подход к применению методов генетической модификации.

1.9. Формы контроля и подведения итогов реализации программы **Текущий контроль**

1. Лабораторные практикумы с ведением лабораторного журнала с подробной документацией всех экспериментов.
2. Биоинформатические задания.

3. Тематические тесты по модулям с автоматизированной проверкой с мгновенной обратной связью.

4. Интерактивные семинары с анализом кейсов применения геномного редактирования в медицине и сельском хозяйстве, обсуждением актуальных научных публикаций в области геномного редактирования.

Промежуточный контроль

1. Исследовательские мини-проекты с планированием и проведением экспериментов по геномному редактированию модельного гена.

2. Хакатоны по решению биоинформатических задач.

Итоговый контроль

1. Комплексный проект по геномному редактированию.

2. Имитационная олимпиада по формату НТО.

3. Результативность участия в НТО.

4. Итоговая научно-практическая конференция.

5. Защита электронного портфолио с представлением накопленных за два года обучения материалов.

2. Структура, содержание и график реализации программы

2.1. Учебный план базового кружка «Геномное редактирование»,

2 год обучения

№ п/п	Название модуля	Количество часов			Формы контроля
		Теория	Практика	Всего	
	Раздел 3. «Биоинженерия и продвинутая биоинформатика»	20	52	72	
1	Модуль «Химия для молекулярной биологии»	2	8	10	Лабораторные работы, решение расчетных задач НТО
2	Модуль «Биохимия для геномного редактирования»	4	8	12	Лабораторные работы, олимпиадные расчетные задачи
3	Модуль «Молекулярная биология»	6	10	16	Файл рекомбинантной плазмиды (.gbr), командная защита проекта
5	Модуль «Программирование на Python (продвинутый уровень)»	4	12	16	Программа анализа FASTA, решение задач

					НТО, финальный проект
6	Модуль «Введение в геномное редактирование»	4	14	18	Подбор гРНК в CRISPOR, решение задач НТО
	Раздел 4. «Подготовка к финалу НТО и проектным конкурсам»	12	60	72	
7	Модуль «Лабораторный интенсив: молекулярная диагностика»	4	20	24	Интерпретация электрофореграмм, генотипирование, командный практикум
8	Модуль «Решение задач 2 тура НТО	4	12	16	Решение задач
9	Модуль «Проектная деятельность и подготовка к конкурсам»	4	24	28	Оформление результатов проекта в формате научной работы и подготовка конкурсной заявки на выбранный конкурс
10	Конференция кружков НТО	4	4	4	Презентация и защита проектов
	Итого	32	112	144	

2.2. Региональный компонент программы (вариативные модули)

2 года обучения

№ п/п	Название модуля	Теория	Практика	Всего	Формы контроля
1	Модуль «Образовательный интенсив: подготовка ко 2 этапу НТО» (университет) ¹	5	35	40	Решение олимпиадных заданий второго тура НТО
2	Модуль «Подготовки ко 2 этапу НТО» (онлайн)	12	24 (СР)	36	Решение олимпиадных заданий второго тура НТО
3	Модуль «Образовательный интенсив: подготовка к финалу НТО» (университет) ²	10	30	40	Симуляция финала НТО, командная защита проекта

¹ Состав участников интенсива определяется на основании результатов отбора (рейтинга).

² Состав участников интенсива определяется на основании результатов отбора (рейтинга).

					клонирования, эссе, код-ревью
	Итого	27	89	116	

2.3. Календарный учебный график базового кружка «Геномное редактирование», 2-ой год обучения на 2026-2027 уч.год

Год обучения	Дата начала обучения по программе	Дата окончания обучения по программе	Всего учебных недель	Количество учебных часов	Режим занятий*
2026-2027	07.09.2026г.	31.05.2027г.	36	144	очно

2.4. Календарный учебный график вариативных модулей (региональный компонент) 1 года обучения на 2026-2027 уч. г.

№	Модуль	Часы	Период реализации 2026-2027 уч. г.
1	Модуль «Образовательный интенсив: подготовка ко 2 этапу НТО» (университет)	40	26.10.2026-30.10.2026
2	Модуль «Подготовки ко 2 этапу НТО» (онлайн)	36	ноябрь-декабрь 2026
3	Модуль «Образовательный интенсив: подготовка к финалу НТО» (университет)	40	февраль 2027
	ИТОГО	116	

3. Организационно-педагогические условия реализации программы

3.1. Материально-техническое обеспечение

- Лаборатория «Микроскопия».
- Лаборатория «Молекулярная биология».
- Лаборатория «Физиология растений».
- Компьютерный класс.

3.2. Оборудование

№	Наименование	Кол-во	Модули
1	Микроскоп биологический ученический	8 шт.	КЛ, МБ, БИО
2	Микроскоп биологический с цифровой камерой	1 шт.	КЛ, МБ, БИО
3	Набор готовых микропрепаратов	2 набора	КЛ
4	Камера Горяева	2 шт.	КЛ
5	рН-метр портативный	4 шт.	ХИМ
6	Индикаторная бумага универсальная	10 упак.	ХИМ
7	Весы лабораторные	2 шт.	ХИМ, МБ, МЕТ
8	Магнитная мешалка с подогревом	2 шт.	ХИМ
9	Баня водяная	1 шт.	ХИМ, МБ
10	Термоциклер (амплификатор) для ПЦР	1 шт.	МЕТ

№	Наименование	Кол-во	Модули
11	Камера для горизонтального электрофореза	1 шт.	МЕТ
12	Источник питания для электрофореза	1 шт.	МЕТ
13	Транслюминатор светодиодный (синий свет)	1 шт.	МЕТ
14	Центрифуга-вортекс настольная	1 шт.	МБ, МЕТ
15	Дозатор механический 2–20 мкл	4 шт.	МЕТ
16	Дозатор механический 20–200 мкл	5 шт.	ХИМ, МБ, МЕТ
17	Дозатор механический 100–1000 мкл	5 шт.	ХИМ, МБ, МЕТ
18	Холодильник с морозильной камерой	1 шт.	МЕТ
19	Микроволновая печь	1 шт.	МЕТ
20	Термостат или сушильный шкаф	1 шт.	МБ, МЕТ
21	Компьютер или ноутбук	15 шт.	РУ, НТО, ОЛ, КОНФ
22	Проектор мультимедийный	1 шт.	РУ, ГЕН, НТО, КОНФ
23	Принтер	1 шт.	НТО, ОЛ, КОНФ
24	Доска магнитно-маркерная	1 шт.	ГЕН, НТО
25	Вытяжной шкаф	1 шт.	ХИМ, МБ
26	Термостат или йогуртница	1 шт.	БИО
27	Штатив охлаждающий для пробирок 0,2 мл	4 шт.	МД
28	Контейнер для льда лабораторный	2 шт.	МД
29	Молекулярный конструктор (модели молекул)	2 набора	БХ, МБ-2
30	Модель структуры ДНК (двойная спираль)	1 шт.	МБ-2, ГР
31	Целлофановые мешочки (диализные)	20 шт.	ХИМ-2

Инфраструктурный лист базового кружка на оборудование и расходные материалы размещены в Приложении 2.

3.3. Кадровое обеспечение программы

Занятия проводят по программе базового кружка педагоги дополнительного образования, имеющие высшее образование в области биологии и/или химии, прошедшие повышение квалификации по программе дополнительного профессионального образования в организации-разработчике профиля (<https://ntcontest.ru/tracks/nto-school/>) и/или в организации, выполняющей функции регионального оператора деятельности технологических кружков (<http://argo.surgu.ru/ploshhadka-podgotovki-k-nto/>), выданный не позднее трех лет, предшествующих дате реализации программы технологического кружка.

Для проведения занятий по модулю «Программирование на Python для биоинформатики» привлекается педагог дополнительного образования, имеющий высшее образование в области информационных технологий,

студенты вузов (начиная с 3-го курса), обучающиеся по направлениям подготовки в области ИТ. В случае отсутствия возможности по привлечению педагогов с указанными компетенциями, занятия ведет педагог – наставник кружка с использованием онлайн-ресурсов на образовательных платформах.

3.4. Информационное обеспечение

– Образовательная платформа «Таланты 2030» Сургутского государственного университета – <https://talents.surgu.ru/>. На платформе размещены материалы по модулям программы для участников кружков и педагогов.

– Сайт Регионального модельного центра дополнительного образования детей – <http://argo.surgu.ru/>.

На сайте Регионального модельного центра дополнительного образования детей публикуется информация о графике образовательных интенсивов на учебный год, их содержании и правилах конкурсного отбора участников.

3.5. Методическое обеспечение программы

1. Учебно-методические материалы

– Конспекты занятий с визуальными схемами и иллюстрациями на платформе «Таланты 2030» СурГУ.

– Рабочие тетради с заданиями разного уровня сложности.

– Протоколы лабораторных работ с пошаговыми инструкциями на платформе «Таланты 2030» СурГУ.

– Глоссарий биологических и химических терминов на платформе «Таланты 2030» СурГУ.

– Справочные материалы по базовым концепциям молекулярной биологии и генетики на сайте Биомолекула.

– Материалы для подготовки к НТО и профильным олимпиадам.

– Методические карты модулей и рекомендации по проведению занятий

– «Геномное редактирование», 2-й год обучения (Приложение 1).

2. Наглядные пособия

– Модели ДНК, РНК, белков и других биомолекул.

– Плакаты и схемы основных биологических процессов (репликация, транскрипция, трансляция).

– Модели хромосом для демонстрации генетических законов.

3. Электронные ресурсы

– Презентации к каждому занятию.

– Видеоматериалы, демонстрирующие биологические процессы и методики.

- Онлайн-тесты для самопроверки.

4. Оценочные материалы

- Тестовые задания разного уровня сложности.
- Практические задания и кейсы.
- Критерии оценки лабораторных работ.
- Материалы для промежуточной и итоговой аттестации.

3.6. Программное обеспечение

Название	Ссылка	Требуется регистрация на сайте и подтверждение регистрации через электронную почту
Онлайн сервис для проведения видеоконференций	https://telemost.yandex.ru/	Требуется регистрация
Среда программирования Python и необходимые библиотеки	Python 3 или PyCharm	
Ugene	ugene.net	Свободный доступ
Базы данных (NCBI)	www.ncbi.nlm.nih.gov	Свободный доступ

3.7. Информационные источники

ОСНОВНАЯ ЛИТЕРАТУРА

1. Аулова А. В. Геномное редактирование: учебно-методическое пособие. Том 8 / А. В. Аулова А. В. Вихорев, Я. И. Габуров [и др.] / Всероссийская междисциплинарная олимпиада школьников 8–11 класса «Национальная технологическая олимпиада». – Москва: ООО «ВАШ ФОРМАТ», 2024. – 320 с. – ISBN 978-5-00147-598-9.

2. Практическая молекулярная генетика для начинающих: 8–9 классы: учебное пособие / Ю. С. Акульченко, Н. Р. Баттулин, П. М. Бородин [и др.]; под редакцией П. М. Бородина и Е. Н. Ворониной. – 3-е изд., стереотипное. – Москва: Просвещение, 2023. – 271 с. – (Молодые учёные – школе). – ISBN 978-5-09-097482-0.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ЛИТЕРАТУРА

1. Биология Campbell. В 3 томах. Том 1. Химия жизни. Клетка. Генетика / Д. Б. Рис, Л. А. Урри, М. Л. Кейн [и др.] ; перевод с английского О. В. Аверчевой , К. А. Андреевой, М. Д. Барановской. – Москва: Диалектика, 2023. – 672 с. – ISBN 978-5-907203-88-4.

2. Биология Campbell. В 3 томах. Том 2. Механизмы эволюции. Эволюция и биоразнообразие. Растительные формы жизни / Д. Б. Рис, Л. А. Урри, М. Л. Кейн [и др.]; под редакцией М. М. Половицкой, О. Н. Шиловой, Д. М. Мартыновой. – Москва: Диалектика, 2023. – 576 с. – ISBN 978-5-907515-13-0.

3. Биология Campbell. В 3 томах. Том 3. Животные формы жизни и их функционирование. Экология / Д. Б. Рис, Л. А. Урри, М. Л. Кейн [и др.]; под редакцией М. М. Половицкой, О. Н. Шиловой, Д. М. Мартыновой. – Москва: Диалектика, 2023. – 575 с. – ISBN 978-5-907705-68-5.

4. Синюшин А. А. Решение задач по генетике / А. А. Синюшин. – 4-е изд. – Москва: Лаборатория знаний, 2024. – 186 с. – (Биология). – ISBN 978-5-93208-400-7.

ИНТЕРНЕТ-РЕСУРСЫ

1. 12 методов в картинках: генная инженерия. Часть I, историческая / О. Волкова, О. Пташник // Биомолекула: [сайт]. – 2007-2025. – URL: <https://biomolecula.ru/articles/12-metodov-v-kartinkakh-gennaia-inzheneriia-chast-i-istoricheskaiia?ysclid=I6d9rebws9167381293> (дата обращения: 02.07.2025).

2. 12 методов в картинках: полимеразная цепная реакция / А. Панов, О. Пташник // Биомолекула: [сайт]. – 2007-2022. – URL: <https://biomolecula.ru/articles/metody-v-kartinkakh-polimeraznaia-tsepnaia-reaktsiia> (дата обращения: 02.07.2025).

3. 12 методов в картинках: секвенирование нуклеиновых кислот / А. Недолужко, О. Пташник // Биомолекула: [сайт]. – 2007-2025. – URL: <https://biomolecula.ru/articles/metody-v-kartinkakh-sekvenirovanie-nukleinovyykh-kislot> (дата обращения: 02.07.2025).

4. Биоинформатика и геномика: 10 лекций биоинформатика Михаила Гельфанда о технологиях анализа молекулярно-биологических данных // ПостНаука : [сайт]. – 2012-2025. – URL: <https://postnauka.org/courses/42433> (дата обращения: 02.07.2025).

5. Биология клетки : 10 лекций биолога Евгения Шеваля об устройстве и функционировании самой элементарной живой системы // ПостНаука : [сайт]. – 2012-2025. – URL: <https://postnauka.org/courses/17529> (дата обращения: 02.07.2025).

6. Вариации ПЦР: [видеоурок] // Stepik: [сайт]. – 2013-2025. – URL: <https://stepik.org/lesson/13696/step/7> (дата обращения: 02.07.2025).

7. Гены и стволовые клетки : 6 лекций биолога Сергея Киселева о современных исследованиях в области клеточных технологий // ПостНаука : [сайт]. – 2012-2025. – URL: <https://postnauka.org/courses/50118> (дата обращения: 03.07.2025).

8. Мануйлов А. В. Основы химии. Интернет-учебник / А. В. Мануйлов, В. И. Родионов // Новосибирский государственный университет: [сайт]. – 2025. – URL: <http://www.hemi.nsu.ru/index.htm> (дата обращения: 02.07.2025).

9. Северинов К. Редактирование генома с CRISPR/Cas9 / К. Северинов // ПостНаука : [сайт]. – 2012-2025. – URL: <https://postnauka.org/faq/59807> (дата обращения: 03.07.2025).
10. Структура и функции ДНК : 10 лекций биофизика Максима Франк-Каменецкого об особенностях и фундаментальных аспектах дезоксирибонуклеиновой кислоты // ПостНаука : [сайт]. – 2012-2025. – URL: <https://postnauka.org/courses/43955> (дата обращения: 03.07.2025).
11. Технология управления свойствами биологических объектов: методы биоинформатики и молекулярной биологии // VK Видео: социальная сеть. – 2021-2025. – URL: https://vkvideo.ru/playlist/-205185234_21 (дата обращения: 02.07.2025).
12. Юшкова А. Генетика / А. Юшкова // Лекториум: [сайт]. – 2012-2025. – URL: <https://www.lektorium.tv/genetics> (дата обращения: 03.07.2025).

**Бюджетное учреждение высшего образования
Ханты-Мансийского автономного округа – Югры
«Сургутский государственный университет»**



**Рабочая программа базового кружка
«Геномное редактирование»
2-ой год обучения**

Возраст обучающихся: 15-17 лет

Срок реализации: 1 год

Объем: 144 академических часа

г. Сургут, 2026 год

Авторы программы:

Безуевская Валерия Александровна, кандидат педагогических наук, доцент, проректор Сургутского государственного университета;

Казакова Галина Александровна, старший специалист центра поддержки пользователей ФГИС «Моя школа» Государственного университета просвещения;

Крайник Виктория Викторовна, к.х.н., старший преподаватель кафедры химии, Сургутский государственный университет;

Самойленко Зоя Анатольевна, к.б.н., доцент, преподаватель кафедры биологии и биотехнологии, Сургутский государственный университет;

Сарапульцева Екатерина Сергеевна, ассистент кафедры биологии и биотехнологии Сургутский государственный университет;

Проворова Олеся Владимировна, старший преподаватель кафедры экологии и биофизики Сургутский государственный университет;

Волохова Марина Анатольевна, старший преподаватель кафедры экологии и биофизики Сургутский государственный университет.

Согласовано:

Руководитель Регионального модельного
центра дополнительного образования
детей Ханты-Мансийского автономного
округа – Югры

Е.С. Титаренко

1. Цель и планируемые результаты:

Создание условий для углубленного освоения школьниками современных методов геномного редактирования и развития практических навыков в области молекулярной биологии и биоинформатики, успешного участия в Национальной технологической олимпиаде и профессионального самоопределения.

Планируемые результаты:

Предметные

1. Объяснять химические основы функционирования биологических молекул, включая буферные растворы, полимеры и реакции, используемые в методах молекулярной биологии (уровень: применение).
2. Анализировать структурно-функциональные взаимосвязи биомолекул (белки, нуклеиновые кислоты, ферменты) в контексте процессов геномного редактирования (уровень: анализ).
3. Анализировать механизмы репликации, транскрипции, трансляции и регуляции экспрессии генов при исследовании структуры и функционирования геномов прокариот и эукариот (уровень: анализ).
4. Анализировать возможности применения вирусных и микробиологических систем для решения задач биотехнологии и генной инженерии (уровень: анализ).
5. Выполнять базовые методы молекулярной диагностики (выделение ДНК, ПЦР, электрофорез, секвенирование) для решения практических задач генетического анализа (уровень: применение).
6. Анализировать принципы работы систем геномного редактирования (CRISPR/Cas и других инструментов) при моделировании решения конкретных биотехнологических задач (уровень: анализ).
7. Применять основные конструкции языка Python для анализа биологических последовательностей и решения простых задач биоинформатики (уровень: применение).
8. Анализировать возможности применения биотехнологических методов и подходов для решения практических задач в медицине, сельском хозяйстве и промышленности (уровень: анализ).

Метапредметные

1. Познавательные:

- анализировать механизмы работы систем геномного редактирования;
- интегрировать знания из различных научных областей (биологии, химии, информатики) для решения комплексных задач геномного редактирования;

- оценивать применимость различных методов для анализа результатов геномного редактирования.

2. Регулятивные:

- разрабатывать план эксперимента по геномному редактированию с учетом имеющихся ресурсов и ограничений;
- управлять собственной познавательной деятельностью при изучении сложных молекулярно-биологических процессов;
- осуществлять самоконтроль и взаимоконтроль при проведении лабораторных работ по молекулярной диагностике;
- прогнозировать результаты эксперимента по редактированию генома на основе теоретических знаний;
- корректировать стратегию решения задач по биоинформатике при получении новых данных.

3. Коммуникативные:

- представлять результаты исследований в области геномного редактирования в формате научного доклада;
- аргументированно обсуждать этические аспекты применения технологий геномного редактирования;
- организовывать продуктивное взаимодействие в проектной группе при решении комплексных биотехнологических задач;
- вести научную дискуссию с использованием специализированной терминологии геномного редактирования;
- составлять отчеты о проведенных экспериментах в соответствии с требованиями научного стиля.

4. Работа с информацией:

- осуществлять поиск и анализ научной информации о новейших достижениях в области геномного редактирования;
- визуализировать результаты биоинформатического анализа с помощью специализированных программных средств;
- интерпретировать данные секвенирования и рестрикционного анализа для оценки эффективности геномного редактирования;
- критически оценивать научные публикации в области геномного редактирования.

Личностные

1. Ценностно-смысловые ориентации:

- оценивать этические аспекты применения технологий геномного редактирования;

- формулировать собственную позицию относительно возможностей и рисков редактирования генома.

2. Профессиональное самоопределение:

- формулировать жизненные планы, связанные с возможным профессиональным развитием в области биотехнологий;
- соотносить свои способности и интересы с требованиями профессий в сфере геномного редактирования.

3. Научно-исследовательская позиция:

- проявлять критическое мышление при анализе научной информации о геномном редактировании;
- принимать ответственность за качество и достоверность получаемых экспериментальных данных.

4. Социальная ответственность:

- объяснять связь между развитием технологий геномного редактирования и решением общественно значимых проблем;
- проявлять восприимчивость к проблемам, которые могут быть решены с помощью биотехнологий.

5. Саморазвитие и самообразование:

- проявлять инициативу в поиске дополнительной информации о современных достижениях в области геномного редактирования;
- оценивать собственный прогресс в освоении программы и планировать дальнейшее развитие своих компетенций.

6. Коллаборативные навыки:

- демонстрировать готовность к продуктивной командной работе при решении комплексных задач;
- принимать ответственность за общий результат в коллективных проектах по геномному редактированию.

7. Коммуникативная компетентность:

- проявлять уважительное отношение к оппонентам в научных дискуссиях;
- корректно использовать научную терминологию при обсуждении вопросов геномного редактирования.

8. Экологическое мышление:

- оценивать потенциальные экологические последствия применения технологий геномного редактирования;
- формулировать экологически ответственный подход к применению методов генетической модификации.

Периодичность и продолжительность занятий:

занятия проводятся в очном формате 1 раз в неделю по 4 академических часа.

2. Учебный план на 2026-2027 уч. год

№ п/п	Название модуля	Количество часов			Формы контроля
		Всего	Теория	Практика	
Раздел 3. «Биоинженерия и продвинутая биоинформатика»					
1	Модуль «Химия для молекулярной биологии»	10	2	8	Лабораторные работы, решение расчетных задач НТО
2	Модуль «Биохимия для геномного редактирования»	12	4	8	Лабораторные работы, олимпиадные расчетные задачи
3	Модуль «Молекулярная биология»	16	6	10	Файл рекомбинантной плазмиды (.gbr), командная защита проекта
5	Модуль «Программирование на Python (продвинутый уровень)»	16	4	12	Программа анализа FASTA, решение задач НТО, финальный проект
6	Модуль «Введение в геномное редактирование»	18	4	14	Подбор гРНК в CRISPOR, решение задач НТО
Итого по разделу 3		72	20	52	
Раздел 4. «Подготовка к финалу НТО и проектным конкурсам»					
7	Модуль «Лабораторный интенсив: молекулярная диагностика» (этап 1, кружок)	24	4	20	Интерпретация электрофореграмм, генотипирование, командный практикум
8	Модуль «Решение задач 2 тура НТО	16	4	12	
9	Модуль «Проектная деятельность и подготовка к конкурсам»	28	4	24	Оформление результатов проекта в формате научной работы и подготовка конкурсной заявки на выбранный конкурс
10	Конференция кружков НТО	4	0	4	
Итого по разделу 4		72	12	60	
Итого:		144	32	112	

3. Календарный учебный график на 2026-2027 уч. год

Год обучения	Дата начала обучения по программе	Дата окончания обучения по программе	Всего учебных недель	Количество учебных часов	Режим занятий*
2026-2027	07.09.2026г.	31.05.2027г.	36	144	очно

*занятия 1 раз в неделю по 4 часа

4. Календарно-тематическое планирование на 2026-2027 уч. год

№	Дата проведения	Наименование	Количество часов		
			Всего	Теория	Практика
	1 полугодие 07.09.2026- 30.12.2026	Раздел 3. «Биоинженерия и продвинутая биоинформатика»	72	20	52
1.	07.09.2026 – 21.09.2026	Модуль «Химия для молекулярной биологии»	10	2	8
2.	21.09.2026 – 05.10.2026	Модуль «Биохимия для геномного редактирования»	12	4	8
3.	12.10.2026 – 02.11.2026	Модуль «Молекулярная биология»	16	6	10
4.	09.11.2026 - 30.11.2026	Модуль «Программирование на Python для биоинформатики (продвинутый уровень)»	16	4	12
5.	07.12. 2026 – 28.12.2026	Модуль «Введение в геномное редактирование»	18	4	14
	2 полугодие 11.01.2027- 31.05.2027	Раздел 4. «Подготовка к финалу НТО и проектным конкурсам»	72	12	60
6.	11.01.2027 - 21.02.2027	Модуль «Лабораторный интенсив: молекулярная диагностика» (этап 1, кружок)	24	4	20
7.	22.02.2027 - 21.03.2027	Модуль «Решение задач 2 тура НТО	16	4	12
8.	22.03.2027- 09.05.2027	Модуль «Проектная деятельность и подготовка к конкурсам»	28	4	24
9.	10.05.2027- 31.05.2027	Конференция кружков НТО	4	0	4
Итого:			144	32	112

5. Содержание программы

Раздел 3. «Биоинженерия и продвинутая биоинформатика»

Модуль «Химия для молекулярной биологии»

Тема 1. «Растворы в молекулярной биологии»

Основные понятия химии растворов: вещество, смесь, растворитель, растворенное вещество. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основные группы веществ. НОВОЕ: типы растворов (истинные, коллоидные, суспензии), эффект Тиндаля. Связь с НТО: растворы используются при приготовлении ПЦР-смесей, гелей для электрофореза, буферов для рестрикции.

Тема 2. «Концентрация растворов и способы ее выражения»

Понятие о концентрации растворов. Способы выражения: массовая доля растворенного вещества и молярная концентрация (М). Разведения: принцип $C_1V_1 = C_2V_2$. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: молярная масса, моль. НОВОЕ: расчеты для приготовления ПЦР-буфера, разведения праймеров. Связь с НТО: расчет объемов компонентов мастер-микса.

Тема 3. «Кислоты и основания. Индикаторы»

Понятие о кислотах и основаниях, классификация, номенклатура и сила. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основные группы веществ, растворы. НОВОЕ: шкала pH (от 0 до 14), логарифмическая шкала (каждая единица – 10-кратное изменение). Измерение pH индикаторами и pH-метром. Связь с НТО: pH буфера влияет на активность ферментов (рестриктазы, полимеразы).

Тема 4. «Приготовление буферных растворов и измерение их свойств»

Биологически важные буферные системы организма человека. Механизмы поддержания постоянства pH в биологических системах. НОВОЕ: приготовление фосфатного буфера заданного pH. Буферная емкость. Связь с НТО: буферы для ПЦР, электрофореза (TAE/TBE), рестрикции (SE-буферы). Таблица совместимости рестриктаз и буферов

Тема 5. «Диффузия и осмос в биологических системах»

Физико-химические основы диффузии. Осмос и осмотическое давление. Уравнение Вант-Гоффа для осмотического давления. Плазмолиз и деплазмолиз. Связь с НТО: осмос при электропорации бактерий (SOC-среда восстанавливает осмотический баланс после электрического шока), доставка CRISPR-компонентов через мембрану.

Модуль «Биохимия для геномного редактирования»

Тема 1. «Химические основы жизни. Аминокислоты»

Аминокислоты – химические строительные блоки жизни. Общая формула альфа-аминокислот: $\text{NH}_2\text{-CHR-COOH}$. Функциональные группы: аминогруппа ($-\text{NH}_2$) и карбоксильная группа ($-\text{COOH}$). Амфотерные свойства. Классификация по свойствам R-группы: неполярные, полярные незаряженные,

заряженные. 20 протеиногенных аминокислот. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: белки (ознакомительный уровень). Связь с НТО 2024-2025: вопросы по аминокислотам, pI , электрофорез белков.

Тема 2. «Белки: от структуры к функции»

Пептидная связь – основа белков: механизм образования связи $-NH-CO-$, реакция конденсации (отщепление воды). Уровни организации белка: первичная (последовательность), вторичная (альфа-спираль, бета-лист), третичная (глобула), четвертичная (мультимер). Денатурация: нарушение структуры. Изоэлектрическая точка (pI). Связь с НТО 2024-2025: SDS-PAGE, расчет массы полипептида.

Тема 3. «Многообразие белков и их классификация»

Классификация белков по функциям: структурные (коллаген, кератин), ферменты (амилаза, пепсин), транспортные (гемоглобин), защитные (антитела), регуляторные (инсулин). Ферменты: субстратная специфичность, модель «ключ-замок». Связь с НТО: Cas9 – фермент (эндонуклеаза); рестриктазы – ферменты с субстратной специфичностью.

Тема 4. «Качественное определение белков и аминокислот»

Качественные реакции – инструменты биохимика: нингидриновая реакция (на NH_2 -группы), биуретовая реакция (специфична для пептидных связей – фиолетовое окрашивание с Cu^{2+}), ксантопротеиновая реакция (на ароматические R-группы – желтое с HNO_3). Принцип SDS-PAGE: додецилсульфат натрия выравнивает заряд, разделение по массе. Связь с НТО 2024-2025: теоретические вопросы по электрофорезу белков.

Тема 5. «Комплексные расчеты в биохимии»

Анализ продуктов сжигания органических веществ: продукты горения CO_2 , H_2O , N_2 , расчет через молярный объем газов ($V_m = 22,4$ л/моль при н.у.). Установление молекулярной формулы по данным элементного анализа. Расчет молярной массы аминокислот и пептидов. ПРЕРЕКВИЗИТ: «Химия для МБ» (молярная масса, концентрация). Связь с НТО: расчетные задачи по биохимии в теоретическом блоке.

Тема 6. «Нуклеиновые кислоты: химия наследственности»

Строение нуклеотидов: азотистые основания A, T, G, C (ДНК); A, U, G, C (РНК), сахар (дезоксирибоза/рибоза), фосфатная группа. Фосфодиэфирные связи. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: строение ДНК и РНК, правило Чаргаффа, комплементарность. НОВОЕ: химический уровень – расчет молярной массы нуклеотидов, энергия фосфодиэфирных связей, разрезание связей рестриктазами и Cas9. Связь с НТО: Cas9 разрезает фосфодиэфирные связи обеих цепей ДНК.

Модуль «Молекулярная биология»

Тема 1. «Центральная догма»

Основы передачи информации: ДНК → РНК → Белок. Направленность синтеза (5'→3'). ПРОЕКТ: Введение в кейс НТО, получение последовательности гена в формате FASTA. Определение типа последовательности (ДНК/РНК/белок), поиск кодонов в таблице кода. Связь с НТО: направленность цепей – инвариантный элемент всех заданий.

Тема 2. «Структура генома прокариот»

Плазмиды и опероны. Элементы плазмиды: ori, промотор, терминатор, MCS (множественный сайт клонирования), маркер устойчивости к антибиотикам. ПРОЕКТ: Подбор вектора для вставки. Анализ карты плазмиды pUC19 – поиск всех функциональных элементов. Связь с НТО: выбор вектора – обязательный этап клонирования *in silico* каждый год.

Тема 3. «Структура генома эукариот»

Мозаичный ген: экзоны и интроны. Процессинг пре-мРНК: сплайсинг, экзонирование, полиаденилирование. CDS (кодирующая последовательность). ПРОЕКТ: Анализ структуры целевого гена в Ensembl (поиск CDS). Отличие геномной последовательности от мРНК и CDS. Связь с НТО 2024-2025: работа с Ensembl, определение CDS гена BCR-ABL1.

Тема 4. «Репликация ДНК»

Ферменты репликации: геликаза, праймаза, ДНК-полимераза III, лигаза. Вилка репликации, ведущая и отстающая цепи, фрагменты Оказаки. Принцип полуконсервативной репликации. ПРОЕКТ: Теоретический расчет температуры отжига (T_m) для будущих праймеров по упрощенной формуле. Связь с НТО: T_m праймеров – обязательный параметр при дизайне.

Тема 5. «Транскрипция»

РНК-полимераза и промоторы (ТАТА-бокс). Этапы транскрипции: инициация, элонгация, терминация. ПРОЕКТ: Поиск ТАТА-бокса в промоторной области выбранного вектора в UGENE. Связь с НТО: понимание промоторов необходимо для правильной ориентации вставки при клонировании (ген должен быть под промотором).

Тема 6. «Трансляция»

Рибосома и синтез белка. Генетический код: триплетность, вырожденность, универсальность. Стартовый кодон (AUG/ATG), стоп-кодона (UAA, UAG, UGA). ПРОЕКТ: Определение аминокислотной последовательности продукта и его свойств (pI, масса). Связь с НТО: предсказание влияния мутации на белок (сдвиг рамки, миссенс, нонсенс).

Тема 7. «Командный практикум НТО (Ч. 1): дизайн праймеров и ПЦР in silico»

Дизайн праймеров с вложенными сайтами рестрикции: комплементарный участок (18-22 нт) + сайт рестрикции + 6 случайных нуклеотидов на 5'-конце. Расчет T_m . ПЦР in silico целевого гена в UGENE. ПРОЕКТ: проектирование праймеров для клонирования гена-мишени в выбранный вектор. Связь с НТО: дизайн праймеров – инвариантный элемент задания каждый год.

Тема 8. «Командный практикум НТО (Ч. 2): клонирование и защита проекта»

«Лигирование» в вектор: виртуальная рестрикция продукта ПЦР и вектора одинаковыми ферментами, лигирование по липким концам в UGENE. Рестрикционный анализ полученной плазмиды для проверки ориентации вставки: выбор ферментов, предсказание длин фрагментов. ПРОЕКТ: завершение конструкции, подготовка к защите. Защита проекта: представление файла рекомбинантной плазмиды, обоснование выбора вектора, рестриктаз, праймеров.

Модуль «Программирование на Python для биоинформатики (продвинутый уровень)»

Тема 1. «Введение в Python и его применение в био-информатике»

Знакомство с ролью Python в биоинформатике. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основы синтаксиса, переменные, типы данных. НОВОЕ: настройка среды разработки (Jupyter Notebook), представление биологических последовательностей как строк, обзор задач, которые будем решать. Демонстрация: как задачи НТО по биоинформатике выглядят на финале (разбор одного примера задания прошлых лет).

Тема 2. «Работа со строками и основы представления ДНК-последовательностей»

Операции со строками: конкатенация, индексация, срезы. Методы строк: поиск, замена, преобразование регистра. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: базовые операции со строками. НОВОЕ: подсчет нуклеотидов в последовательности, поиск подпоследовательностей, получение комплементарной и обратно-комплементарной последовательности. Направленность цепей ДНК (5'→3') и ее значение для программирования.

Тема 3. «Условные операторы и циклы в обработке биологических данных»

Условные операторы (if-elif-else). Циклы for и while. Итерация по элементам строк и списков. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основы условных

операторов и циклов. НОВОЕ: обработка последовательностей ДНК с использованием циклов, поиск паттернов с помощью условных операторов, валидация биологических последовательностей (проверка на допустимые символы, длину).

Тема 4. «Функции и модули для обработки биологических последовательностей»

Создание и использование функций. Передача параметров и возврат значений. Импорт стандартных модулей (math, random). ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: определение простых функций. НОВОЕ: создание набора функций для анализа ДНК (подсчет нуклеотидов, GC-состав, транскрипция, трансляция), документирование кода, организация кода в модули, создание библиотеки для работы с ДНК.

Тема 5. «Работа с файлами и форматом FASTA»

Чтение и запись текстовых файлов. Формат FASTA для хранения биологических последовательностей. Парсинг FASTA-файлов. Обработка нескольких последовательностей из файла. Сохранение результатов анализа в файл. Обработка ошибок при работе с файлами. Связь с модулями 1 года: формат FASTA в NCBI (занятие 11).

Тема 6. «Структуры данных для биоинформатики: списки, словари, множества»

Списки и операции с ними. Словари для хранения биологических данных. Множества для эффективного поиска. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: базовая работа со списками. НОВОЕ: представление генетического кода с помощью словаря, подсчет k-меров в последовательности, использование множеств для нахождения общих мотивов.

Тема 7. «Алгоритмы обработки строк и решение задач НТО»

Алгоритмы поиска подстрок (наивный, Бойера-Мура). Вычисление расстояния Хэмминга. Поиск мотивов и повторов в ДНК. Введение в регулярные выражения (модуль re): поиск паттернов переменной длины, группы захвата. Применение к задачам НТО: поиск РАМ + спейсер на обеих цепях ДНК, поиск сайтов рестрикции с вырожденными основаниями. Разбор Python-блоков заданий финала НТО 2022-2025: типичная структура задачи, формат ввода-вывода, критерии оценки.

Тема 8. «Визуализация данных и комплексный проект формата НТО»

Основы визуализации с использованием matplotlib. Построение графиков GC-состава вдоль последовательности (скользящее окно). Визуализация частоты нуклеотидов. Финальный проект: комплексный анализ ДНК-последовательности, имитирующий Python-блок финала НТО. Задание

включает: чтение FASTA, поиск мишеней CRISPR, анализ GC-состава, визуализацию результатов, вывод в структурированный отчет. Ограничение по времени (60 мин на задачу). Подведение итогов модуля.

Модуль «Введение в геномное редактирование»

Тема 1. «Что такое CRISPR и зачем он нужен»

CRISPR – «молекулярные ножницы» для редактирования ДНК. Аналогия: редактирование текста в Word (найти → вырезать → заменить). Зачем редактировать гены: лечение болезней, улучшение растений. Видео: как работает CRISPR (3 мин).

Тема 2. «Три компонента CRISPR: Cas9, гРНК, PAM»

Cas9 – белок-«ножницы», разрезает ДНК. гРНК – «GPS-навигатор», направляет Cas9 к нужному месту. PAM (NGG) – «замочная скважина», без неё Cas9 не режет. Главное правило: Cas9 режет за 3 нуклеотида ДО PAM.

Тема 3. «Что происходит после разреза: NHEJ и HDR»

Клетка сама «чинит» разрыв — два способа. NHEJ — быстрый ремонт «как получится» → ошибки (вставки/делеции). HDR — точный ремонт по шаблону → нужна ДНК-донор. Аналогия: заклеить книгу скотчем (NHEJ) vs переписать страницу (HDR).

Тема 4. «Нокаут гена: как «выключить» ген»

Нокаут = выключение гена навсегда. Механизм: NHEJ → вставка/делеция → сдвиг рамки → стоп-кодон. Сдвиг рамки: если не кратно 3 – белок не работает. Зачем делают нокауты: узнать функцию гена.

Тема 5. «Как выбрать мишень: дизайн гРНК»

Хорошая гРНК: GC-состав 40-60%, длина спейсера 20 н. Где искать: рядом с началом гена, после PAM. Плохая гРНК: много повторов, слишком много G или C. Инструмент CRISPOR: вводим последовательность → получаем варианты.

Тема 6. «Как проверить результат редактирования»

Шаг 1: ПЦР – размножить участок с редактированием. Шаг 2: Электрофорез – изменился ли размер? Шаг 3: Секвенирование – что именно изменилось? Связь с модулем «Методы МД».

Тема 7. «Решение комплексных задач НТО»

Алгоритм решения: мишень → PAM → гРНК → результат → проверка. Чек-лист: что проверить перед ответом. Типичные ошибки и как их избежать.

Раздел 4. «Подготовка к финалу НТО и проектным конкурсам»

Модуль «Лабораторный интенсив: молекулярная диагностика»

(этап 1, кружок)

Тема 1. «Введение в методы молекулярной диагностики»

Понятие о молекулярной диагностике и ее значении. Классификация методов молекулярной диагностики. История развития методов. Материалы для молекулярной диагностики: ДНК, РНК, белки. Основные этапы молекулярно-диагностического исследования. Инструменты молекулярной диагностики: ферменты, праймеры, зонды.

Тема 2. «Полимеразная цепная реакция: принципы и компоненты»

Принцип метода ПЦР. Компоненты ПЦР-смеси: матрица, праймеры, нуклеотиды, буфер, полимераз. Этапы ПЦР-реакции: денатурация, отжиг, элонгация. Температурные режимы ПЦР. Типы праймеров и правила их подбора. Амплификатор: устройство и принцип работы.

Тема 3. «Типы ПЦР и их применение»

Классическая ПЦР. Анализ результатов ПЦР: электрофорез. Применение ПЦР в медицинской диагностике и криминалистике. ПЦР в реальном времени (qPCR). Мультиплексная ПЦР. Обратная транскрипция и ОТ-ПЦР.

Тема 4. «Критерии хороших праймеров и дизайн в Primer-BLAST»

НАПОМИНАНИЕ: праймеры – «закладки», определяющие границы копируемого участка (занятие 7, 1 год; занятие 2, модуль МД). НОВОЕ: самостоятельный дизайн праймеров для целевого гена в Primer-BLAST (в МД – демонстрация педагогом, теперь – полностью самостоятельно). Чек-лист критериев: длина 18-25 нт, GC-состав 40-60%, Tm 55-65C, разница Tm между прямым и обратным не более 5C, отсутствие самокомплементарности и шпильчатых структур. Связь с финалом НТО: дизайн праймеров – инвариантный элемент задания каждый год.

Тема 5. «ПЦР-практикум «Определение пола»

Набор «Определение пола человека». Принцип: амплификация участков, специфичных для X и Y хромосом. Разный размер продуктов: у женщин (XX) – одна полоса, у мужчин (XY) – две полосы. НАПОМИНАНИЕ: мастер-микс, контроли K+ и K- (занятие 8, 1 год; занятие 3, модуль МД). НОВОЕ: полностью самостоятельный расчет и проведение без подсказок (в 1 году – с помощью педагога). Обязательное предсказание результата до запуска ПЦР: каждый рисует ожидаемую картину геля.

Тема 6. «Генотипирование: рестрикция + электрофорез»

НАПОМИНАНИЕ: рестриктазы, сайты узнавания, предсказание фрагментов (занятие 10, 1 год; занятие 4, модуль МД). НОВОЕ: акцент на связи SNP с сайтом рестрикции и интерпретации генотипов. Электрофорез ПЦР-продуктов из занятия 2. Рестрикция продуктов ПЦР рестриктазой. Анализ: SNP – замена одной «буквы» в ДНК; замена может создать или уничтожить сайт рестрикции. Интерпретация: гомозигота дикого типа, гомозигота мутантная,

гетерозигота – разные картины полос. Практикум в UGENE: виртуальная рестрикция для проверки предсказаний.

Тема 7. «ПЦР-практикум «Популяционная генетика»

Набор «Равновесие в популяции». Определяем: полиморфизм, встречающийся в популяции с разной частотой. НАПОМИНАНИЕ: генотип, гомозигота, гетерозигота (модуль «Основы генетики», 1 год; занятие 5, модуль МД). НОВОЕ: полностью самостоятельная работа без промежуточного контроля педагога. Полный цикл: ПЦР + электрофорез. Определение генотипов всех образцов группы. Заполнение общей таблицы. Подсчет частот аллелей в группе.

Тема 8. «ПЦР-практикум «Анализ продуктов питания»

Набор «Определение ГМО в продуктах питания» или «Состав злаков в хлебе». Особенность: ДНК из продуктов питания часто повреждена (термообработка, консерванты). Что детектируем (ГМО): промотор 35S или терминатор NOS. НАПОМИНАНИЕ: выделение ДНК (занятие 4-5, 1 год; занятие 8, модуль МД). НОВОЕ: работа в парах, полная самостоятельность, акцент на интерпретации результатов в практическом контексте (соответствие маркировке). Связь с финалом НТО: работа со сложными образцами, где результат не всегда однозначен.

Тема 9. «Командный практикум: мини-симуляция НТО»

Симуляция заключительного этапа НТО 8-9 классов. Формат: работа в командах по 4 человека с распределением ролей: 1-2 биоинформатика + 2-3 лаборанта. Этапы: 1) Расчет ПЦР-смеси по инструкции (15 мин); 2) Выполнение ПЦР (15 мин на постановку + время амплификации); 3) Задание в UGENE – поиск сайтов рестрикции, виртуальная ПЦР *in silico* (20 мин, биоинформатики); 4) Электрофорез + интерпретация (20 мин, лаборанты); 5) Командная презентация результатов (10 мин). Жесткий тайминг с таймером. Взаимооценивание команд по критериям. Рефлексия: «Что я теперь умею» – заполнение листа самооценки по навыкам модуля.

Тема 10. «Базы данных биологических последовательностей»

Понятие о базах данных нуклеотидных последовательностей. Знакомство с базой данных NCBI: структура и основные разделы. Поиск последовательностей генов и белков в базах данных. Идентификация неизвестных последовательностей с помощью BLAST. Выравнивание последовательностей: основные принципы. Практическое использование онлайн-инструментов для анализа ДНК.

Тема 11. «Рестрикционный анализ ДНК»

Понятие о рестрикционных ферментах: функция и механизм действия. Сайты рестрикции: распознавание последовательностей ДНК. Визуализация продуктов рестрикции с помощью электрофореза. Анализ размеров фрагментов ДНК с использованием маркеров молекулярного веса. Применение рестрикционного анализа в диагностике.

Тема 12. «Основы гибридизационных методов в молекулярной диагностике» Комплементарность как основа гибридизации нуклеиновых кислот. Простые гибридизационные методы: принцип действия. Зонды для обнаружения специфических последовательностей ДНК. Применение гибридизации в диагностике и генетическом анализе. Гибридизация как этап в других молекулярно-биологических методах. Обзор и сравнение изученных методов молекулярной диагностики.

Модуль «Решение задач 2 тура НТО»

Решение задач 2 тура прошлого сезона.

Модуль «Проектная деятельность и подготовка к конкурсам»

Тема 1. «Рефлексия: анализ опыта участия в НТО»

Структурированная рефлексия по итогам сезона НТО. Для финалистов: разбор заданий заключительного этапа текущего года, анализ командной работы, выявление ошибок. Для участников отборочных этапов: разбор заданий, анализ пробелов. Инструменты: опросник самооценки (навыки НТО: ПЦР, электрофорез, Python, клонирование, командная работа – шкала 1-5). P2P-оценка (взаимная оценка работы в команде: вклад, коммуникация, тайм-менеджмент).

Тема 2. «Карта компетенций и выбор проектной темы»

Составление индивидуальной «карты компетенций»: что освоено, что требует доработки. Обзор конкурсов: «Большие вызовы» (Сириус), «Талант НТО», школьные НПК – направления, сроки, критерии. Мозговой штурм тем: не только CRISPR, но и биотехнология, биоинформатика, молекулярная диагностика (см. приложение «Примеры тем проектов»). Критерии выбора: актуальность, реалистичность анализа имеющимися средствами (UGENE, Python, базы данных), потенциал для конкурса. Формирование проектных пар/троек.

Тема 3. «Формулирование проблемы и обзор источников»

Работа с источниками информации: научно-популярные статьи, обзоры, базы данных (NCBI, Ensembl). Формулирование проблемы: что известно, что не известно, какова цель проекта. Определение объекта исследования: целевой ген / организм / процесс. Для CRISPR-проектов: какой ген, какая мутация, какой тип редактирования (нокаут через NHEJ или исправление через HDR). Для

биотехнологических проектов: какой организм/процесс, какой метод анализа. Начало написания раздела «Введение».

Тема 4. «Биоинформатический анализ объекта: поиск и анализ последовательности»

Практикум: поиск целевого гена/последовательности в базах данных (Ensembl, NCBI). Анализ структуры: экзоны, интроны, CDS, регуляторные элементы. Для CRISPR-проектов: локализация мутации, влияние на белок. Для биотехнологических проектов: анализ функциональных доменов, поиск гомологов (BLAST), сравнение последовательностей. Экспорт данных в FASTA. Все инструменты – только те, что освоены в программе: Ensembl, NCBI, UGENE, BLAST.

Тема 5. «Проектирование эксперимента: дизайн ключевого этапа»

Практикум: проектирование центрального эксперимента проекта. Содержание зависит от темы. Для CRISPR-проектов: подбор гРНК в CRISPOR (из программы: занятие 5 модуля ГР), дизайн проверочных праймеров. Для проектов по клонированию: выбор вектора, дизайн праймеров с хвостами, рестрикция-лигирование *in silico* в UGENE (из программы: занятия 7-8 модуля МБ). Для диагностических проектов: дизайн праймеров для ПЦР-диагностики, предсказание результатов электрофореза. Наставник консультирует каждую пару индивидуально.

Тема 6. «Проектирование проверки результата и система контролей»

Как проверить, что эксперимент удался? Для каждого типа проекта – стратегия проверки на основе изученных методов. ПЦР + электрофорез: изменился ли размер фрагмента (из программы: модули МД, МБ). Рестрикционный анализ: появился/исчез ли сайт рестрикции (из программы: модули МД, МБ). Секвенирование по Сэнгеру: подтверждение последовательности (из программы: занятие 6 модуля ГР – принцип, без новых понятий). Система контролей: положительный, отрицательный, внутренний. Дизайн проверочных праймеров с расчетом T_m . Предсказание ожидаемых результатов: «рисует ожидаемый гель». Раздел «Методы» проектной работы.

Тема 7. «Обсуждение ограничений и биоэтика»

Каждый эксперимент имеет ограничения. Обсуждение: что может пойти не так? Для CRISPR-проектов: неспецифическое действие (в программе изучено: Cas9 может разрезать похожие участки – занятие 5 модуля ГР, специфичность гРНК в CRISPOR). Для всех проектов: ложноположительные и ложноотрицательные результаты, контаминация, деградация ДНК. Биоэтические аспекты: редактирование человека vs. растений vs. микроорганизмов – разные уровни этических ограничений. Обсуждение в

формате дебатов: «За и против применения [технологии проекта] в реальной практике». Раздел «Обсуждение» проектной работы.

Тема 8. «Python-анализ и визуализация данных проекта»

Практикум: применение Python для анализа данных проекта. Все задачи – на основе освоенных навыков (модуль Python продвинутый). Варианты (зависят от проекта): анализ нуклеотидного состава целевого региона (GC-скользящее окно), визуализация расположения сайтов рестрикции вдоль последовательности, подсчет и визуализация частоты кодонов, сравнение последовательностей (расстояние Хэмминга), визуализация результатов BLAST (длина выравнивания, процент идентичности). Создание графиков для проектной работы (matplotlib). Раздел «Результаты».

Тема 9. «Оформление работы и подготовка постера»

Структура научной работы: титульный лист, аннотация, введение, материалы и методы, результаты, обсуждение, выводы, список литературы. Требования к оформлению для конкурсов. Дизайн научного постера (формат A1): структура, визуальная иерархия, баланс текста и графики. Составление аннотации (150-200 слов).

Тема 10. «Защита проектов»

Подготовка устного доклада: структура (проблема – цель – методы – результаты – выводы), тайминг (7 мин + 3 мин вопросы). Пробный доклад перед партнером. Публичная защита перед группой и приглашенными экспертами (по возможности). Перспективы: как доработать проект для конкурса.

Тема 11. «Подготовка конкурсных заявок»

Адаптация проекта под конкурсные форматы. «Большие вызовы»: выбор направления, структура заявки, мотивационное письмо. «Талант НТО»: цифровое портфолио – достижения, компетенции, рекомендации. Школьные НПК: требования к оформлению. Индивидуальный план участия в конкурсах.

Тема 12. «Траектории развития и планирование следующего сезона»

Обзор траекторий: НТО 10-11 классов, Сириус, предметные олимпиады, летние школы. Рекомендации для самоподготовки: ресурсы (книги, курсы). Итоговая карта компетенций (сравнение с началом). Обратная связь. Вручение сертификатов.

Конференция кружков НТО

Подготовка участников конференции. Проведение конференции. Подведение итогов, обратная связь.

**Методические карты модулей и рекомендации по проведению занятий
«Геномное редактирование»
(2-й год обучения)**

Организация работы с методическими картами модулей программы «Геномное редактирование»

Методическая карта модуля

Методическая карта модуля представляет собой детальное описание образовательного процесса, структурированное в табличной форме. Это подробный план реализации модуля, включающий содержание, формы работы, методы оценивания и ожидаемые результаты обучения. Карта служит навигатором для преподавателя, обеспечивая системность и целостность образовательного процесса.

Структура занятий

Каждое занятие рассчитано на 2 академических часа по 45 минут. Рекомендуемая структура: вводная часть (15 минут) – теоретическая часть (25-30 минут) – практическая работа (40-45 минут) – заключительная часть с рефлексией (10-15 минут). Такое распределение времени обеспечивает оптимальный баланс между теорией и практикой, что критически важно для усвоения материала и поддержания мотивации учащихся.

Содержание занятия

Столбец «Содержание» представляет собой тематический план теоретической части занятия. Здесь перечислены все понятия, которые должны быть раскрыты в ходе занятия. Эти пункты представляют собой основу для создания презентаций, подготовки демонстрационных материалов и разработки конспекта занятия. При объяснении сложных понятий рекомендуется использовать аналогии из повседневной жизни и визуальные материалы, особенно на первом году обучения.

Формирующие оценочные мероприятия

Столбец «Формирующие оценочные мероприятия» содержит перечень активностей, которые следует организовать в ходе занятия для проверки усвоения материала и формирования практических навыков. Формирующие оценочные мероприятия подобраны для достижения результатов обучения запланированного уровня. Они тщательно соотнесены с указанными результатами обучения и обеспечивают их поэтапное формирование. педагог-наставник кружка может (и должен) дополнять и модифицировать предложенные мероприятия, исходя из особенностей группы и доступного оборудования, но критически важно сохранять их соответствие заявленным результатам обучения.

Результаты обучения

Столбец «Результаты обучения» перечисляет измеримые элементы содержания, которыми должны владеть участники кружка после завершения

занятия. результаты обучения структурированы по уровням таксономии Блума. Крайне важно, чтобы результаты обучения достигались на каждом занятии – это необходимое условие для успешной проектной деятельности кружка и значимых достижений в НТО. Регулярно проверяйте, все ли запланированные результаты достигнуты, и при необходимости корректируйте следующие занятия.

Практические рекомендации

При подготовке к занятиям обращайтесь внимание на методические рекомендации, приведенные в конце методической карты. Они содержат ценные советы по организации работы, адаптации материала для учащихся разного уровня подготовки и эффективному использованию оборудования.

Методическая карта модуля
«Химия для молекулярной биологии»
2 год обучения

(10 академических часов, 5 занятий по 2 ак.ч.)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 класс).

Предварительные требования: Модуль «Основы химии для биологов» (1 год): строение атома, типы связей, основные группы веществ. Школьная программа по химии 8 класса (начальные сведения).

Ключевой результат обучения: применять знания о растворах, pH и буферных системах для понимания лабораторных протоколов молекулярной биологии, выполнять расчеты концентрации и разведений в контексте задач НТО.

Технология обучения: перевернутый класс – теория изучается по конспектам на платформе до занятия; основное время занятия отводится лабораторным практикумам и формирующим оценочным мероприятиям.

Связь с подготовкой к финалу НТО: Расчет концентраций и разведений – обязательная часть приготовления ПЦР-смеси на каждом финале. Понимание буферных систем необходимо для работы с рестриктазами (подбор буфера по таблице совместимости). Осмос – контекст трансформации бактерий (SOC-среда).

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
1. Растворы в молекулярной биологии	Основные понятия химии растворов: вещество, смесь, растворитель, растворенное вещество. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основные группы веществ. НОВОЕ: типы растворов (истинные, коллоидные, суспензии), эффект Тиндаля. Связь с НТО: растворы	Практическое определение типов растворов (истинных, коллоидных, суспензий). Наблюдение эффекта Тиндаля с лазерной указкой. Мини-тест: какие растворы используются в ПЦР? Задача НТО (адаптированная): определить, какой тип раствора применяется на каждом этапе	Различать типы растворов (истинные, коллоидные, суспензии) и объяснять их особенности. Приводить примеры растворов, используемых в молекулярной биологии	Химическая посуда, различные вещества для приготовления растворов, лазерная указка (эффект Тиндаля)

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	используются при приготовлении ПЦР-смесей, гелей для электрофореза, буферов для рестрикции	молекулярно-биологического протокола		
2. Концентрация растворов и способы ее выражения	Понятие о концентрации растворов. Способы выражения: массовая доля растворенного вещества и молярная концентрация (М). Разведения: принцип $C_1V_1 = C_2V_2$. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: молярная масса, моль. НОВОЕ: расчеты для приготовления ПЦР-буфера, разведения праймеров. Связь с НТО: расчет объемов компонентов мастер-микса	Лабораторная работа «Приготовление растворов различной концентрации». Расчет массовой доли и молярной концентрации. Задача НТО: рассчитать объем воды для ПЦР-смеси, зная концентрации стоковых растворов компонентов и конечные концентрации. Задача на разведение: из 10х буфера приготовить 1х	Рассчитывать концентрацию растворов в единицах массовой доли и молярной концентрации. Готовить раствор заданной концентрации. Выполнять расчеты разведений ($C_1V_1 = C_2V_2$)	Аналитические весы, мерные колбы, цилиндры, дозаторы, реактивы для приготовления растворов
3. Кислоты и основания. Индикаторы	Понятие о кислотах и основаниях, классификация, номенклатура и сила. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основные	Лабораторная работа: определение кислот и оснований с помощью индикаторов (лакмус, фенолфталеин,	Определять кислоты и основания по их формулам. Объяснять шкалу pH и ее логарифмический характер.	Индикаторы (лакмус, фенолфталеин, метилоранж, универсальный), химическая посуда, растворы кислот

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	группы веществ, растворы. НОВОЕ: шкала pH (от 0 до 14), логарифмическая шкала (каждая единица – 10-кратное изменение). Измерение pH индикаторами и pH-метром. Связь с НТО: pH буфера влияет на активность ферментов (рестриктазы, полимеразы)	метилоранж, универсальный). Измерение pH растворов pH-метром. Задача НТО (адаптированная): при каком pH рестриктаза EcoRI имеет максимальную активность? Что произойдет, если pH буфера сдвинуть на 2 единицы?	Измерять pH с помощью индикаторов и pH-метра. Объяснять влияние pH на активность ферментов	и оснований, pH-метр
4. Приготовление буферных растворов и измерение их свойств	Биологически важные буферные системы организма человека. Механизмы поддержания постоянства pH в биологических системах. НОВОЕ: приготовление фосфатного буфера заданного pH. Буферная емкость. Связь с НТО: буферы для ПЦР, электрофореза (TAE/TBE), рестрикции (SE-буферы). Таблица совместимости	Лабораторная работа: приготовление фосфатного буфера заданного pH с использованием дозаторов. Измерение pH приготовленного буфера. Проверка буферной емкости: добавление кислоты/основания и измерение изменения pH. Задача НТО: по таблице совместимости подобрать оптимальный буфер для двойной рестрикции	Готовить буферные растворы с заданным pH. Использовать лабораторное оборудование (мерные колбы, цилиндры, дозаторы, pH-метр). Объяснять принцип буферной емкости. Подбирать буфер для ферментативной реакции по таблице совместимости	Мерные колбы, цилиндры, дозаторы, pH-метр, индикаторная бумага, реактивы для буферных растворов

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	рестриктаз и буферов			
5. Диффузия и осмос в биологических системах	Физико-химические основы диффузии. Осмос и осмотическое давление. Уравнение Вант-Гоффа для осмотического давления. Плазмолиз и деплазмолиз. Связь с НТО: осмос при электропорации бактерий (SOC-среда восстанавливает осмотический баланс после электрического шока), доставка CRISPR-компонентов через мембрану	Лабораторный опыт: наблюдение осмоса с использованием «искусственной клетки» (целлофановый мешочек с раствором сахарозы). Наблюдение плазмолиза и деплазмолиза в растительных клетках под микроскопом. Задача: зачем после электропорации бактерии помещают в SOC-среду? Что произойдет, если вместо SOC использовать дистиллированную воду?	Анализировать роль осмотических явлений в жизнедеятельности клеток. Объяснять механизмы диффузии и осмоса. Рассчитывать осмотическое давление. Объяснять роль осмоса в протоколе трансформации бактерий	Целлофановые мешочки, растворы сахарозы и NaCl разных концентраций, микроскоп, растительный материал

Задачи НТО, интегрированные в модуль

Занятие	Задачи НТО / олимпиадный компонент	Формат	Источник
1	Определение типов растворов в молекулярно-биологическом протоколе	Обсуждение	Адаптированная
2	Расчет объема воды для ПЦР-смеси по концентрациям стоковых растворов; расчет разведения 10x буфера	Практикум (20 мин)	Адаптированная задача финала
3	При каком pH рестриктаза имеет максимальную активность?	Задача (10 мин)	Адаптированная

4	Подбор оптимального буфера для двойной рестрикции по таблице совместимости	Задача (15 мин)	Адаптированная задача 2024-2025
5	Объяснение роли SOC-среды после электропорации бактерий	Задача (10 мин)	Адаптированная задача 2024-2025

Сводная информация по модулю

Распределение часов по типам деятельности

Тип деятельности	Занятия	Часы	Процент
Лабораторные практикумы	2, 3, 4, 5	8	80%
Теория и демонстрации	1	2	20%

Оборудование и программное обеспечение

Оборудование / материалы	Занятия	Примечания
Аналитические весы (2 шт.)	2, 4	Из инфраструктурного листа 1 года
pH-метр портативный (4 шт.)	3, 4	Калибровка перед модулем
Индикаторная бумага универсальная	3	
Индикаторы: лакмус, фенолфталеин, метилоранж	3	
Мерные колбы 100 мл (4 шт.), цилиндры 50 мл (8 шт.)	2, 4	
Дозаторы 20-200 мкл (5 шт.), 100-1000 мкл (5 шт.)	2, 4	
Магнитная мешалка с подогревом (2 шт.)	4	
Целлофановые мешочки (диализные, 20 шт.)	5	
Микроскоп биологический (8 шт.)	5	Для наблюдения плазмолиза
Химическая посуда (стаканы, колбы, воронки)	1-4	
Реактивы: NaCl, K ₂ HPO ₄ , Na ₂ HPO ₄ , сахароза, кислоты, щелочи	2-5	
Лазерная указка	1	Для демонстрации эффекта Тиндала

Межмодульные связи

Занятие	Связь с модулем	Как реализуется
1	«Основы химии для биологов» (1 год)	Пререквизит: электроотрицательность, полярность связей
2	«Методы исследования в МБ» (1 год)	Расчет концентрации для ПЦР, разведения
3, 4	«Биохимия для ГР» (2 год)	Буферные системы, pH и активность ферментов
4	«Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год) и «Образовательный интенсив» (этап 2)	Буферы для рестрикции, таблица совместимости – применяется на интенсиве
5	«Клетка2 (1 год)	Транспорт через мембрану, осмос в клетке
5	«Образовательный интенсив» (этап 2, 2 год, день 1)	Осмос при электропорации бактерий (SOC-среда)

Подготовка педагога

Проверить перед началом модуля:

- Наличие pH-метра и его калибровка.
- Наличие реактивов для приготовления буферных растворов (KH_2PO_4 , Na_2HPO_4).
- Наличие индикаторов (лакмус, фенолфталеин, метилоранж, универсальный).
- Целлофановые мешочки для опыта с осмосом (занятие 5).

Подготовить раздаточные материалы:

- Рабочие листы с расчетными задачами НТО (занятия 2, 4).
- Таблица совместимости рестриктаз и буферов (занятие 4).
- Задачи на роль SOC-среды при трансформации (занятие 5).

Методическая карта модуля
«Биохимия для геномного редактирования»
2 год обучения
(12 академических часов, 6 занятий по 2 ак.ч.)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 класс).

Предварительные требования: Модуль «Основы молекулярной биологии» (1 год): строение белков (ознакомительный уровень), ДНК, РНК, центральная догма. Модуль «Химия для молекулярной биологии» (2 год): растворы, pH, буферные системы.

Ключевой результат обучения: анализировать строение и свойства биомолекул (аминокислот, белков, нуклеиновых кислот) на химическом уровне, выполнять расчеты элементного состава и решать задачи НТО по биохимии.

Технология обучения: перевернутый класс – теория изучается по конспектам на платформе до занятия; основное время занятия отводится лабораторным практикумам и формирующим оценочным мероприятиям.

Связь с подготовкой к финалу НТО: Теоретический блок по биохимии белков появился в задании НТО 2024-2025: аминокислоты, пептидные связи, pI, SDS-PAGE. Расчетные задачи по элементному составу – стандартный компонент олимпиадных заданий. Химия нуклеиновых кислот – основа для понимания работы рестриктаз и Cas9.

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
1. Химические основы жизни. Аминокислоты	Аминокислоты – химические строительные блоки жизни. Общая формула альфа-аминокислот: $\text{NH}_2\text{-CHR-COOH}$. Функциональные группы: аминогруппа ($-\text{NH}_2$) и карбоксильная группа ($-\text{COOH}$). Амфотерные свойства. Классификация по	Лабораторная работа: «Свойства аминокислот разных типов». Составление справочной таблицы «20 протеиногенных аминокислот». Определение типа аминокислоты по структурной формуле R-группы. Задача НТО (адаптированная):	Объяснять строение и амфотерные свойства аминокислот. Распознавать функциональные группы. Классифицировать аминокислоты по свойствам R-группы	Молекулярные конструкторы, таблица аминокислот (раздаточный материал)

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудов ание
	свойствам R- группы: неполярные, полярные незаряженные, заряженные. 20 протеиногенных аминокислот. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: белки (ознакомительный уровень). Связь с НТО 2024-2025: вопросы по аминокислотам, pI, электрофорез белков	определить заряд аминокислоты при заданном pH		
2. Белки: от структуры к функции	Пептидная связь – основа белков: механизм образования связи - NH-CO-, реакция конденсации (отщепление воды). Уровни организации белка: первичная (последовательност ь), вторичная (альфа-спираль, бета-лист), третичная (глобула), четвертичная (мультимер). Денатурация: нарушение структуры. Изоэлектрическая точка (pI). Связь с НТО 2024-2025: SDS-	Лабораторная работа: «Денатурация белков» (воздействие кислот, щелочей, спирта, нагревания на яичный белок). Построение моделей пептидных связей. Задача олимпиады: анализ структуры полипептида, расчет числа пептидных связей и молекул воды. Задача: определить pI белка по набору аминокислот	Объяснять механизм образования пептидной связи. Различать уровни структуры белков и приводить примеры. Объяснять денатурацию. Определять изоэлектрическую точку белка	Реактивы для денатурац ии (растворы кислот, щелочей, спирт), яичный белок, молекуляр ные конструкто ры

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудов ание
	PAGE, расчет массы полипептида			
3. Многообразие белков и их классификация	Классификация белков по функциям: структурные (коллаген, кератин), ферменты (амилаза, пепсин), транспортные (гемоглобин), защитные (антитела), регуляторные (инсулин). Ферменты: субстратная специфичность, модель «ключ-замок». Связь с НТО: Cas9 – фермент (эндонуклеаза); рестриктазы – ферменты с субстратной специфичностью	Создание карты 2Белки в организме человека». Задача олимпиады: 2Классификация белков по функциям». Соотнесение белков с функциями. Обсуждение: почему Cas9 и рестриктазы – это ферменты? Что общего между субстратной специфичностью ферментов и распознаванием РАМ белком Cas9?	Классифицировать белки по выполняемым функциям. Приводить конкретные примеры белков каждой группы. Объяснять субстратную специфичность ферментов	Раздаточные материалы с примерами белков
4. Качественное определение белков и аминокислот	Качественные реакции – инструменты биохимика: нингидриновая реакция (на NH ₂ -группы), биуретовая реакция (специфична для пептидных связей – фиолетовое окрашивание с Cu ²⁺), ксантопротеиновая реакция (на	Лабораторная работа: «Качественные реакции на белки». Определение наличия белка в образцах пищевых продуктов. Задача олимпиады: определение аминокислоты по качественным реакциям. Задача НТО (адаптированная):	Проводить качественные реакции на белки и аминокислоты. Выбирать реакцию для определения конкретной функциональной группы. Объяснять принцип SDS-PAGE	Реактивы для качественных реакций (нингидрин, CuSO ₄ , NaOH, HNO ₃), образцы белков

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудов ание
	ароматические R- группы – желтое с HNO ₃). Принцип SDS-PAGE: додецилсульфат натрия выравнивает заряд, разделение по массе. Связь с НТО 2024-2025: теоретические вопросы по электрофорезу белков	по результатам SDS-PAGE определить молекулярную массу белка		
5. Комплексные расчеты в биохимии	Анализ продуктов сжигания органических веществ: продукты горения CO ₂ , H ₂ O, N ₂ , расчет через молярный объем газов (V _m = 22,4 л/моль при н.у.). Установление молекулярной формулы по данным элементного анализа. Расчет молярной массы аминокислот и пептидов. ПРЕРЕКВИЗИТ: «Химия для МБ» (молярная масса, концентрация). Связь с НТО: расчетные задачи по биохимии в теоретическом блоке	Решение комплексной задачи олимпиады: анализ продуктов сжигания дипептида, определение молярной массы, установление формулы. Решение задач на расчет состава белка по аминокислотной последовательност и. Задача: рассчитать молярную массу инсулина по его первичной структуре	Анализировать продукты сжигания биомолекул и определять элементный состав. Устанавливать молекулярную формулу по данным элементного анализа. Рассчитывать молярные массы пептидов	Калькулято р, раздаточн ые материалы с задачами НТО, справочны е таблицы

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
Нуклеиновые кислоты: химия наследственности	Строение нуклеотидов: азотистые основания А, Т, Г, С (ДНК); А, У, Г, С (РНК), сахар (дезоксирибоза/рибоза), фосфатная группа. Фосфодиэфирные связи. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: строение ДНК и РНК, правило Чаргаффа, комплементарность. НОВОЕ: химический уровень – расчет молярной массы нуклеотидов, энергия фосфодиэфирных связей, разрезание связей рестриктазами и Cas9. Связь с НТО: Cas9 разрезает фосфодиэфирные связи обеих цепей ДНК	Лабораторная работа: «Выделение ДНК из растительного материала» (углубленный уровень). Построение модели двойной спирали ДНК из молекулярных конструкторов. Задача олимпиады: расчет состава нуклеиновых кислот, применение правила Чаргаффа. Задача: рассчитать молекулярную массу олигонуклеотида (праймера) длиной 20 нт.	Описывать структуру нуклеотидов и нуклеиновых кислот на химическом уровне. Объяснять принцип комплементарности через водородные связи. Рассчитывать молекулярную массу нуклеотидов и олигонуклеотидов	Набор для выделения ДНК из растений, молекулярные модели нуклеотидов, калькулятор, раздаточные материалы

Задачи НТО, интегрированные в модуль

Занятие	Задачи НТО / олимпиадный компонент	Формат	Источник
1	Определение заряда аминокислоты при заданном pH	Задача (10 мин)	Адаптированная задача 2024-2025
2	Расчет числа пептидных связей и молекул воды в полипептиде; определение pI	Задача олимпиады (15 мин)	Адаптированная

3	Классификация белков по функциям; Cas9 и рестриктазы как ферменты	Обсуждение + задача	Адаптированная
4	Определение молекулярной массы белка по SDS-PAGE	Задача НТО (15 мин)	Адаптированная задача 2024-2025
5	Комплексная расчетная задача: анализ продуктов сжигания дипептида, установление формулы	Комплексная задача (25 мин)	Олимпиадная задача
6	Расчет молекулярной массы олигонуклеотида (праймера) длиной 20 нт	Задача (10 мин)	Адаптированная

Сводная информация по модулю

Распределение часов по типам деятельности

Тип деятельности	Занятия	Часы	Процент
Лабораторные работы	1, 2, 4, 6	8	67%
Расчетные задачи и олимпиадная практика	3, 5	4	33%

Оборудование и программное обеспечение

Оборудование / материалы	Занятия	Примечания
Молекулярные конструкторы (модели молекул, 2 набора)	1, 2, 6	Из инфраструктурного листа 2 года
Реактивы для денатурации: растворы кислот, щелочей, спирт	2	
Яичный белок (свежий)	2	Закупка за 1-2 дня
Реактивы для качественных реакций: нингидрин, CuSO ₄ , NaOH, HNO ₃	4	
Набор для выделения ДНК из растительного материала	6	Из инфраструктурного листа 1 года
Калькулятор	5, 6	
Таблица аминокислот (раздаточный материал, 8 шт.)	1-4	
Модель структуры ДНК (двойная спираль)	6	Из инфраструктурного листа 2 года

Межмодульные связи

Занятие	Связь с модулем	Как реализуется
1-2	«Основы МБ» (1 год)	Пререквизит: белки (ознакомительный уровень)
3	«Введение в ГР» (2 год)	Cas9 как фермент; субстратная специфичность и распознавание PAM
5	«Химия для молекулярной биологии» (2 год)	Расчеты молярных масс, концентрации
6	«Основы МБ» (1 год)	Пререквизит: ДНК, РНК, правило Чаргаффа
6	«Введение в ГР» (2 год)	Cas9 разрезает фосфодиэфирные связи
4	«Образовательный интенсив» (этап 2, 2 год, день 3)	SDS-PAGE – вопросы теоретического теста на интенсиве

Подготовка педагога

Подготовить раздаточные материалы:

- Справочная таблица 20 протеиногенных аминокислот (на каждого ученика).
- Задачи НТО по биохимии (расчеты элементного состава, определение формул).
- Таблица качественных реакций на белки и аминокислоты.
- Задачи на SDS-PAGE (определение молекулярной массы по подвижности).

Проверить наличие реактивов:

- Нингидрин, CuSO₄, NaOH, HNO₃ – для качественных реакций (занятие 4).
- Растворы белков (яичный альбумин) и аминокислот (занятие 4).
- Набор для выделения ДНК из растительного материала (занятие 6).
- Молекулярные конструкторы – не менее 200 атомов разных типов (занятия 1, 2, 6).

Методическая карта модуля

«Молекулярная биология»

2 год обучения

(16 академических часов, 8 занятий по 2 ак.ч.)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 класс).

Предварительные требования: Освоение учебного плана 1 года, включая модули «Основы молекулярной биологии» (центральная догма, ДНК, РНК), «Клетка», «Основы химии для биологов». Модули 2 года: «Химия для МБ» (растворы, буферы), «Биохимия для ГР» (белки, нуклеиновые кислоты).

Ключевой результат обучения: применять принципы центральной догмы и знания об организации геномов для анализа генетических последовательностей, предсказания результатов мутаций и проектирования этапов молекулярно-биологического эксперимента в формате задач НТО.

Технология обучения: перевернутый класс – теория изучается по конспектам на платформе до занятия; основное время занятия отводится лабораторным практикумам и формирующим оценочным мероприятиям.

Связь с подготовкой к финалу НТО: Модуль построен как сквозной проект «Инженерия генетической конструкции», имитирующий формат клонирования *in silico* на финале НТО. Занятия 7-8 – командный практикум с защитой, воспроизводящий структуру инженерного тура НТО. Клонирование *in silico* – инвариантный элемент задания каждый год (2022-2025).

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
1. Центральная догма	Основы передачи информации: ДНК -> РНК -> Белок. Направленность синтеза (5'->3'). ПРОЕКТ: Введение в кейс НТО, получение последовательности гена в формате FASTA. Определение типа последовательности	Тест: «Направления синтеза 5'->3». Поиск кодонов в таблице кода. Получение FASTA-файла с последовательностью гена-мишени (eGFP или BCR-ABL1). Определение: ДНК или РНК? Кодированная или некодирующая?	Определять тип нуклеиновой кислоты и направление цепей. Использовать таблицу генетического кода для поиска кодонов. Различать смысловую и	Компьютерный класс, таблица генетического кода (ламинированная, 8 шт.), файлы FASTA из NCBI

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	(ДНК/РНК/белок), поиск кодонов в таблице кода. Связь с НТО: направленность цепей – инвариантный элемент всех заданий	Задача НТО (адаптированная): по фрагменту последовательнос ти определить направление цепи	матричную цепи ДНК	
2. Структура генома прокариот	Плазмиды и опероны. Элементы плазмиды: ori, промотор, терминатор, MCS (множественный сайт клонирования), маркер устойчивости к антибиотику. ПРОЕКТ: Подбор вектора для вставки. Анализ карты плазмиды pUC19 – поиск всех функциональных элементов. Связь с НТО: выбор вектора – обязательный этап клонирования in silico каждый год	Лаб. работа: «Поиск сайтов рестрикции в MCS плазмиды» (в UGENE или на бумажной карте). Заполнение таблицы: элемент плазмиды – функция – расположение. Задача НТО (адаптированная): по карте плазмиды определить, можно ли использовать рестриктазу X для клонирования (не попадает ли сайт в функциональный элемент)	Характеризова ть элементы плазмиды: ori, промотор, селективный маркер, MCS. Анализировать карту плазмиды и находить функциональн ые элементы. Обосновывать выбор вектора для клонирования	Компьютерный класс с UGENE, карты плазмид (раздаточный материал), проектор
3. Структура генома эукариот	Мозаичный ген: экзоны и интроны. Процессинг пре- мРНК: сплайсинг, экспонирование,	Упражнение: «Удаление интронов и сборка зрелой мРНК» (бумажная модель). Работа в	Различать экзоны и интроны, описывать этапы процессинга.	Компьютерный класс с доступом к Ensembl, бумажные модели генов

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	полиаденилирование. CDS (кодирующая последовательность). ПРОЕКТ: Анализ структуры целевого гена в Ensembl (поиск CDS). Отличие геномной последовательности от мРНК и CDS. Связь с НТО 2024-2025: работа с Ensembl, определение CDS гена BCR-ABL1	Ensembl: поиск гена-мишени, анализ транскриптов, определение числа экзонов, экспорт CDS в FASTA. Задача: если ген содержит 5 экзонов и 4 интрона, какова длина зрелой мРНК?	Находить CDS гена в базе данных Ensembl. Объяснять разницу между геномной последовательностью и CDS	(ножницы, клей), проектор
4. Репликация ДНК	Ферменты репликации: геликаза, праймаза, ДНК-полимераза III, лигаза. Вилка репликации, ведущая и отстающая цепи, фрагменты Оказаки. Принцип полуконсервативной репликации. ПРОЕКТ: Теоретический расчет температуры отжига (Tm) для будущих праймеров по упрощенной формуле. Связь с НТО: Tm праймеров –	Задача: «Построение комплементарной цепи при репликации» (на бумаге с указанием направлений 5' → 3'). Расчет Tm праймера по формуле Уоллеса: $Tm = 2(A+T) + 4(G+C)$. Задача НТО (адаптированная): рассчитать Tm двух праймеров и оценить, подходят ли они для одной реакции ПЦР (разница не более 5С)	Объяснять принцип полуконсервативной репликации и роль полимераз. Называть ферменты репликации и их функции. Рассчитывать Tm праймера по упрощенной формуле	Раздаточные материалы с последовательностями, калькулятор, таблица генетического кода

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	обязательный параметр при дизайне			
5. Транскрипция	РНК-полимераза и промоторы (TATA-бокс). Этапы транскрипции: инициация, элонгация, терминация. ПРОЕКТ: Поиск TATA-бокса в промоторной области выбранного вектора в UGENE. Связь с НТО: понимание промоторов необходимо для правильной ориентации вставки при клонировании (ген должен быть под промотором)	Работа в UGENE: «Транскрипция выбранного участка ДНК» – поиск промотора, определение начала транскрипции. Задача: если ген вставить в обратной ориентации относительно промотора, будет ли он транскрибироваться? Почему?	Находить регуляторные элементы гена (промотор, терминатор). Объяснять этапы транскрипции. Определять ориентацию гена относительно промотора	Компьютерный класс с UGENE, файлы плазмид
6. Трансляция	Рибосома и синтез белка. Генетический код: триплетность, вырожденность, универсальность. Стартовый кодон (AUG/ATG), стоп-кодоны (UAA, UAG, UGA). ПРОЕКТ: Определение аминокислотной последовательности продукта и его	Задача: «Оценка влияния точечной мутации на функцию белка» – замена нуклеотида -> изменение кодона -> изменение аминокислоты -> влияние на свойства белка. Трансляция фрагмента CDS с	Использовать генетический код для предсказания аминокислотной последовательности. Определять влияние точечных мутаций на белковый продукт. Различать	Таблица генетического кода, калькулятор, раздаточные материалы с задачами

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	свойств (рI, масса). Связь с НТО: предсказание влияния мутации на белок (сдвиг рамки, миссенс, нонсенс)	использованием таблицы кода. Задача НТО: по мутации определить тип (синонимичная, миссенс, нонсенс) и предсказать последствия	типы мутаций по последствиям	
7. Командный практикум НТО (Ч. 1): дизайн праймеров и ПЦР in silico	Дизайн праймеров с вложенными сайтами рестрикции: комплементарный участок (18-22 нт) + сайт рестрикции + 6 случайных нуклеотидов на 5'-конце. Расчет Tm. ПЦР in silico целевого гена в UGENE. ПРОЕКТ: проектирование праймеров для клонирования гена-мишени в выбранный вектор. Связь с НТО: дизайн праймеров – инвариантный элемент задания каждый год	Командная работа (4 чел.): проектирование праймеров для клонирования по липким концам. Выбор рестриктаз (из списка, аналогичного НТО). Запись праймеров 5'→3' с указанием всех частей. Расчет Tm каждого праймера. ПЦР in silico в UGENE: проверка, что продукт имеет ожидаемый размер. Файл с последовательностями праймеров и Tm	Проектировать праймеры с вложенными сайтами рестрикции. Рассчитывать Tm праймера. Выполнять ПЦР in silico в UGENE. Проверять корректность дизайна праймеров	Компьютерный класс с UGENE, карты плазмид, таблица генетического кода, калькулятор
8. Командный практикум НТО (Ч. 2): клонирование и защита проекта	«Лигирование» в вектор: виртуальная рестрикция продукта ПЦР и вектора	Командная работа: рестрикция, лигирование, проверка в UGENE. Расчет	Выполнять виртуальное клонирование (рестрикция, лигирование) в UGENE.	Компьютерный класс с UGENE, проектор, критерии оценки

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
	одинаковыми ферментами, лигирование по липким концам в UGENE. Рестрикционный анализ полученной плазмиды для проверки ориентации вставки: выбор ферментов, предсказание длин фрагментов. ПРОЕКТ: завершение конструкции, подготовка к защите. Защита проекта: представление файла рекомбинантной плазмиды, обоснование выбора вектора, рестриктаз, праймеров	длин фрагментов рестрикционного анализа для проверки ориентации вставки. ЗАЩИТА: представление файла рекомбинантной плазмиды (5-7 мин на команду). Ответы на вопросы: почему выбран этот вектор? Почему эти рестриктазы? Как проверить правильность клонирования? Взаимооценивание команд по критериям	Интерпретировать результаты рестрикционного анализа. Проверять ориентацию вставки. Обосновывать выбор методов и инструментов при защите проекта	(раздаточный материал)

Задачи НТО, интегрированные в модуль

Занятие	Задачи НТО / олимпиадный компонент	Формат	Источник
1	Определение типа последовательности и направления цепи по фрагменту	Задача (10 мин)	Адаптированная
2	По карте плазмиды определить, можно ли использовать рестриктазу X для клонирования	Задача (10 мин)	Адаптированная задача финала
3	Работа с Ensembl: поиск CDS гена-мишени	Практикум (20 мин)	Адаптированная задача 2024-2025

4	Расчет Tm двух праймеров, оценка совместимости для ПЦР	Задача (15 мин)	Адаптированная задача финала
6	Определение типа мутации (синонимичная, миссенс, нонсенс) и предсказание последствий	Задача (15 мин)	Адаптированная
7-8	Полный цикл клонирования in silico: выбор вектора, дизайн праймеров с хвостами, ПЦР, рестрикция, лигирование, проверка + защита проекта	Командный практикум с защитой (2 занятия)	Формат заключительного этапа НТО

Сводная информация по модулю

Распределение часов по типам деятельности

Тип деятельности	Занятия	Часы	Процент
Биоинформатика (UGENE, Ensembl, работа с последовательностями)	2, 3, 5, 7, 8	10	62.5%
Расчетные задачи и анализ	1, 4, 6	6	37.5%

Оборудование и программное обеспечение

Оборудование / материалы	Занятия	Примечания
Компьютерный класс (15 ПК) с UGENE	2, 3, 5, 7, 8	Установить UGENE заранее
Доступ к Ensembl	3	Проверить доступность из школьной сети
Проектор мультимедийный	Все занятия	Для демонстрации и защиты проектов
Модель структуры ДНК (двойная спираль)	1, 4	Из инфраструктурного листа 2 года
Таблица генетического кода (ламинированная, 8 шт.)	1, 6	
Калькулятор	4, 6	Для расчета Tm
Бумажные модели генов (для вырезания экзонов/интронов)	3	Подготовить заранее: распечатать последовательности
Карты плазмид: pUC19, pCMV v3 (раздаточный материал)	2, 7, 8	
Критерии оценки для защиты проекта	8	
Файлы FASTA с последовательностями генов-мишеней (eGFP, BCR-ABL1)	1, 3, 7	Скачать из NCBI заранее

Межмодульные связи

Занятие	Связь с модулем	Как реализуется
1	«Основы МБ» (1 год)	Пререквизит: центральная догма, ДНК, РНК
2	«Методы исследования в МБ» (1 год, зан. 10)	Пререквизит: рестриктазы, сайты узнавания
3	«Введение в ГР» (2 год)	Ensembl – поиск гена-мишени для CRISPR
4	«Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год, зан. 1)	Дизайн праймеров – развитие навыка от Tm до полных праймеров с хвостами
5, 6	«Биохимия для ГР» (2 год)	Белки (ферменты транскрипции/трансляции), нуклеиновые кислоты
7-8	«Образовательный интенсив» (этап 2, 2 год, день 2)	Клонирование in silico – прямой пререквизит для командного практикума на интенсиве
7-8	«Введение в ГР» (2 год)	Контекст: клонирование гена для доставки CRISPR-компонентов

Подготовка педагога

Установить на компьютеры

- UGENE (<https://ugene.net/download-all.html>).
- Обеспечить доступ к Ensembl (<https://www.ensembl.org/>).

Скачать из NCBI заранее (резерв при проблемах с интернетом)

- Последовательность гена eGFP – формат FASTA и GenBank.
- Последовательность гена BCR-ABL1 (или аналог) – формат FASTA.
- Карту плазмиды pUC19 – формат GenBank (для UGENE).

Подготовить раздаточные материалы

- Таблица генетического кода (8 шт., ламинированные).
- Карты плазмид pUC19 и pCMV v3 (бумажные, для занятий 2, 7-8).
- Бумажные модели генов для вырезания экзонов/интронов (занятие 3).
- Инструкция по выполнению проекта для участников (занятия 1-8).
- Критерии оценки для защиты проекта (занятие 8).
- Кейсы на основе архивов НТО 2022-2025 (задачи на поиск PAM, расчет ПЦР-смесей, дизайн праймеров).

Проверить перед началом модуля

- Работоспособность UGENE на всех компьютерах.
- Доступ к Ensembl из школьной сети.
- Результаты модулей «Химия для МБ» и «Биохимия для ГР» (пререквизиты).

Методическая карта модуля
«Программирование на Python для биоинформатики
(продвинутый уровень)»

2 год обучения

(16 академических часов, 8 занятий по 2 ак.ч.)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 класс).

Предварительные требования: Модуль «Программирование на Python для биоинформатики (начальный уровень)» (1 год): синтаксис Python, переменные, типы данных, условные операторы, циклы, функции, работа со строками.

Ключевой результат обучения: разрабатывать программы на Python для анализа ДНК-последовательностей, парсинга файлов формата FASTA, визуализации результатов и решения биоинформатических задач заключительного этапа НТО.

Технология обучения: перевернутый класс – теоретический материал изучается по конспектам на платформе до занятия; основное время занятия отводится практическому программированию и формирующим оценочным мероприятиям.

Связь с подготовкой к финалу НТО: Python-блок присутствует в задании заключительного этапа каждый год (поиск мишеней CRISPR, парсинг SAM-файлов, анализ последовательностей). Занятия 1-6 формируют инструментарий; занятия 7-8 целенаправленно тренируют решение задач формата НТО. Навыки, освоенные в модуле, применяются на этапе 2 (образовательный интенсив) в треке «Биоинформатика».

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
1. Введение в Python и его применение в биоинформатике	Знакомство с ролью Python в биоинформатике . ПРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основы синтаксиса, переменные, типы данных. НОВОЕ: настройка среды разработки (Jupyter Notebook), представление биологических последовательно	Установка необходимого ПО. Выполнение простых заданий на создание переменных и выполнение базовых операций. Работа с простыми биологическими последовательностями в формате строк. Мини-тест на знание основных типов	Настраивать среду разработки Python для биоинформатических задач. Создавать переменные различных типов и выполнять с ними операции. Объяснять, почему Python широко используется в биоинформатике. Представлять простые	Компьютерный класс с Python 3, Jupyter Notebook; примеры задач НТО (раздаточный материал)

	стей как строк, обзор задач, которые будем решать. Демонстрация: как задачи НТО по биоинформатике выглядят на финале (разбор одного примера задания прошлых лет)	данных (входная диагностика). Разбор примера задачи НТО: определить, какие навыки Python нужны для ее решения	биологические последовательности в виде строк	
2. Работа со строками и основы представления ДНК-последовательностей	Операции со строками: конкатенация, индексация, срезы. Методы строк: поиск, замена, преобразование регистра. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: базовые операции со строками. НОВОЕ: подсчет нуклеотидов в последовательности, поиск подпоследовательностей, получение комплементарной и обратной комплементарной последовательности. Направленность цепей ДНК (5'→3') и ее значение для программирования	Практические задания на работу со строками. Создание функции для подсчета частоты нуклеотидов в ДНК. Написание программы для поиска специфических последовательностей в ДНК. Создание функции получения комплементарной последовательности. Задача НТО (адаптированная): подсчитать нуклеотидный состав последовательности из FASTA-заголовка	Применять методы строк для работы с биологическими последовательностями. Создавать программы для анализа нуклеотидного состава ДНК. Находить заданные мотивы в последовательностях. Преобразовывать последовательности ДНК в комплементарные и обратные комплементарные	Компьютерный класс с Python 3, Jupyter Notebook
3. Условные операторы и циклы в обработке биологических данных	Условные операторы (if-elif-else). Циклы for и while. Итерация по элементам строк и списков. ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: основы	Решение задач на проверку последовательностей ДНК на валидность. Создание программы для нахождения всех	Использовать условные операторы для анализа и валидации последовательностей. Применять циклы для	Компьютерный класс с Python 3, Jupyter Notebook

	условных операторов и циклов. НОВОЕ: обработка последовательностей ДНК с использованием циклов, поиск паттернов с помощью условных операторов, валидация биологических последовательностей (проверка на допустимые символы, длину)	вхождений паттерна в ДНК. Анализ GC-состава в последовательности с использованием циклов. Практические задания на фильтрацию данных. Задача формата НТО: найти все вхождения PAM-последовательности (NGG) в заданной строке ДНК	обработки биологических данных. Создавать программы для поиска и подсчета мотивов в ДНК. Проверять последовательности ДНК на соответствие биологическим правилам	
4. Функции и модули для обработки биологических последовательностей	Создание и использование функций. Передача параметров и возврат значений. Импорт стандартных модулей (math, random). ПРЕРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: определение простых функций. НОВОЕ: создание набора функций для анализа ДНК (подсчет нуклеотидов, GC-состав, транскрипция, трансляция), документирование кода, организация кода в модули, создание библиотеки для работы с ДНК	Создание набора функций для анализа ДНК (подсчет нуклеотидов, GC-состав, транскрипция). Использование созданных функций для решения задач. Тестирование созданных функций. Разработка и документирование простой библиотеки для работы с биологическими последовательностями	Создавать и вызывать функции с параметрами и возвращаемыми значениями. Разрабатывать модульные программы. Применять стандартные модули Python. Создавать документацию для кода. Разрабатывать многократно используемые функции для анализа ДНК	Компьютерный класс с Python 3, Jupyter Notebook
5. Работа с файлами и	Чтение и запись текстовых	Разработка программы для	Читать и записывать	Компьютерный класс с

форматом FASTA	файлов. Формат FASTA для хранения биологических последовательностей. Парсинг FASTA-файлов. Обработка нескольких последовательностей из файла. Сохранение результатов анализа в файл. Обработка ошибок при работе с файлами. Связь с модулями 1 года: формат FASTA в NCBI (занятие 11)	чтения и анализа FASTA-файлов. Написание парсера для извлечения последовательностей из FASTA. Создание программы для анализа нескольких последовательностей из файла. Сохранение результатов анализа в структурированный отчет. Задача формата НТО: прочитать FASTA-файл, найти все РАМ-сайты (NGG) в каждой последовательности, вывести координаты и цепь	текстовые файлы в Python. Парсить файлы в формате FASTA. Извлекать информацию из заголовков FASTA. Обработать множественные последовательности из одного файла. Создавать отчеты в текстовом формате	Python 3, Jupyter Notebook; заранее подготовленные FASTA-файлы из NCBI
6. Структуры данных для биоинформатики: списки, словари, множества	Списки и операции с ними. Словари для хранения биологических данных. Множества для эффективного поиска. ПРЕКВИЗИТ 1 ГОДА: базовая работа со списками. НОВОЕ: представление генетического кода с помощью словаря, подсчет k-меров в последовательности, использование множеств для нахождения общих мотивов	Создание словаря для трансляции ДНК в белок. Разработка программы для подсчета k-меров в ДНК. Использование множеств для нахождения общих мотивов в последовательностях. Практические задачи на работу с разными структурами данных. Задача формата НТО: написать функцию трансляции CDS в аминокислотную последовательность с учетом	Выбирать подходящие структуры данных для различных биоинформатических задач. Использовать словари для представления генетического кода. Применять списки для хранения множеств последовательностей. Использовать множества для эффективного поиска и сравнения. Анализировать последовательности на наличие повторяющихся элементов	Компьютерный класс с Python 3, Jupyter Notebook; таблица генетического кода (раздаточный материал)

		стартового и стоп-кодонов		
6. Алгоритмы обработки строк и решение задач НТО	Алгоритмы поиска подстрок (наивный, Бойера-Мура). Вычисление расстояния Хэмминга. Поиск мотивов и повторов в ДНК. Введение в регулярные выражения (модуль re): поиск паттернов переменной длины, группы захвата. Применение к задачам НТО: поиск PAM + спейсер на обеих цепях ДНК, поиск сайтов рестрикции с вырожденными основаниями. Разбор Python-блоков заданий финала НТО 2022-2025: типичная структура задачи, формат ввода-вывода, критерии оценки	Реализация простых алгоритмов поиска подстрок. Написание программы для вычисления расстояния Хэмминга. Практикум по регулярным выражениям: поиск PAM (NGG) и таргетных сайтов CRISPR (20 нт + NGG) на обеих цепях. Решение двух полных задач НТО прошлых лет: (1) задача на поиск мишеней CRISPR из финала 2022-2023 (count_pams + find_targets); (2) задача на сжатие последовательности из финала 2022-2023. Разбор эталонных решений, обсуждение альтернативных подходов	Реализовывать алгоритмы поиска в строках. Применять регулярные выражения для поиска биологических паттернов. Вычислять расстояние между последовательностями (расстояние Хэмминга). Находить мишени CRISPR (PAM + спейсер) на обеих цепях ДНК. Решать Python-задачи формата заключительного этапа НТО	Компьютерный класс с Python 3, Jupyter Notebook; задания Python-блока финала НТО 2022-2023 (раздаточный материал); эталонные решения

7. Визуализация данных и комплексный проект формата НТО	Основы визуализации с использованием matplotlib. Построение графиков GC-состава вдоль последовательно сти (скользящее окно). Визуализация частоты нуклеотидов. Финальный проект: комплексный анализ ДНК-последовательно сти, имитирующий Python-блок финала НТО. Задание включает: чтение FASTA, поиск мишеней CRISPR, анализ GC-состава, визуализацию результатов, вывод в структурированн ый отчет. Ограничение по времени (60 мин на задачу). Подведение итогов модуля	Создание программы для визуализации GC-состава вдоль последовательно сти (скользящее окно). Финальный проект (60 мин, индивидуально): комплексный анализ выбранной последовательно сти ДНК – чтение FASTA, поиск мишеней CRISPR на обеих цепях, расчет GC-состава, построение графика, формирование отчета. Представление результатов проекта (5 мин на человека). Взаимное код-ревью в парах. Рефлексия: «Какие задачи НТО я теперь могу решить?»	Создавать графики с использованием matplotlib. Визуализировать результаты анализа ДНК. Интерпретироват ь графики GC-состава. Интегрировать различные методы анализа в единую программу. Решать комплексную задачу формата НТО в ограниченное время. Представлять результаты анализа в понятной форме	Компьютерн ый класс с Python 3, Jupyter Notebook, matplotlib; заранее подготовлен ные FASTA-файлы; таймер
--	--	---	---	--

Задачи НТО, интегрированные в модуль

Занятие	Задачи НТО / олимпиадный компонент	Формат	Источник
1	Разбор примера Python-задачи финала НТО: анализ структуры задания, определение необходимых навыков	Обсуждение	Любой год (2022-2025)
3	Поиск всех вхождений PAM-последовательности (NGG) в строке ДНК	Практикум (15 мин)	Адаптированная задача 2022-2023

5	Чтение FASTA-файла, поиск РАМ-сайтов в каждой последовательности, вывод координат и цепи	Практикум (20 мин)	Адаптированная задача 2022-2023
6	Трансляция CDS в аминокислотную последовательность с учетом стартового и стоп-кодонов	Практикум (15 мин)	Адаптированная задача 2024-2025
7	Полные задачи НТО: (1) count_rams + find_targets; (2) сжатие последовательности	Решение полных задач (40 мин)	Финал 2022-2023
8	Комплексный проект: чтение FASTA + поиск мишеней CRISPR + GC-анализ + визуализация + отчет	Финальный проект с таймером (60 мин)	Комплексная задача формата НТО

Сводная информация по модулю

Распределение часов по типам деятельности

Тип деятельности	Занятия	Часы	Процент
Практическое программирование (освоение инструментов)	1-6	12	75%
Решение задач формата НТО и олимпиадная практика	7	2	12.5%
Комплексный проект с ограничением по времени	8	2	12.5%
Итого	8	16	100%

Оборудование и программное обеспечение

Оборудование / ПО	Занятия	Примечания
Компьютер или ноутбук (15 шт.)	Все занятия	ОС Windows 10/11 или Linux, ОЗУ не менее 4 ГБ
Python 3.x	Все занятия	Установить заранее (https://www.python.org/)
Jupyter Notebook или VS Code	Все занятия	Рекомендуется Jupyter для наглядности
Библиотека matplotlib	Занятие 8	pip install matplotlib
Библиотека BioPython (желательно)	Занятия 5-8	pip install biopython; не обязательна, но полезна

Проектор мультимедийный	Все занятия	Для демонстрации кода и разбора задач
Маршрутизатор с доступом в интернет	Занятия 1, 5	Для скачивания FASTA-файлов из NCBI
FASTA-файлы из NCBI (резерв)	Занятия 5-8	Скачать заранее на случай проблем с интернетом
Задания Python-блока финала НТО (раздаточный материал)	Занятия 7-8	Подготовить из архива заданий 2022-2025
Таблица генетического кода (ламинированная)	Занятие 6	8 шт., формат A4
Таймер	Занятие 8	Для финального проекта с ограничением по времени

Межмодульные связи

Занятие	Связь с модулем	Как реализуется
2	«Основы МБ» (1 год)	Комплементарность, нуклеотиды, направленность цепей 5'→3'
3	«Введение в ГР» (2 год)	РАМ-последовательность (NGG) как паттерн для поиска в строке
4	«Основы МБ» (1 год)	Транскрипция (центральная догма): функция ДНК → РНК
5	«Методы исследования в МБ» (1 год, зан. 11)	Формат FASTA, база данных NCBI
6	«Основы МБ» (1 год)	Генетический код, трансляция: словарь кодон → аминокислота
7	«Введение в ГР» (2 год)	Поиск мишеней CRISPR (PAM + спейсер 20 нт) на обеих цепях
8	«Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год) и «Образовательный интенсив» (этап 2, 2 год)	GC-состав связан с Tm праймеров; навыки Python применяются в Python-треке интенсива (SAM/CIGAR, клонирование in silico)

Подготовка педагога

Установить на компьютеры

- Python 3.x (<https://www.python.org/>).
- Jupyter Notebook (pip install notebook) или VS Code с расширением Python.
- Библиотеку matplotlib (pip install matplotlib).

- Библиотеку BioPython (pip install biopython) – желательно, но не обязательно.

Скачать из NCBI заранее (резерв при проблемах с интернетом):

- 3-5 последовательностей генов в формате FASTA (разной длины, от 500 до 5000 нт).
- Последовательность плазмиды pUC19 (для поиска сайтов рестрикции).
- Последовательность гена eGFP или BCR-ABL1 (для финального проекта).

Подготовить раздаточные материалы:

- Задания Python-блока финала НТО 2022-2023: функция count_pams, find_targets, сжатие последовательности (для занятия 7).
- Эталонные решения задач НТО с комментариями (для разбора на занятии 7).
- Таблица генетического кода (8 шт., ламинированные, формат А4) (для занятия 6).
- Задание для финального проекта с критериями оценки (для занятия 8).

Проверить перед началом модуля:

- Работоспособность Python и Jupyter Notebook на всех компьютерах.
- Доступ к интернету (для занятий 1, 5).
- Наличие архива заданий НТО по биоинформатике (2022-2025).
- Результаты входной диагностики (занятие 1) для корректировки темпа модуля.

**Методическая карта модуля «Введение в геномное редактирование»
(14 академических часов, 7 занятий по 2 ак.ч.)**

Уровень: 9-10 класс, второй год обучения.

Ключевой результат обучения: решать задачи НТО по геномному редактированию: находить РАМ, подбирать гРНК, предсказывать результат редактирования.

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения
1. Что такое CRISPR и зачем он нужен	• CRISPR — «молекулярные ножницы» для редактирования ДНК • Аналогия: редактирование текста в Word (найти → вырезать → заменить) • Зачем редактировать гены: лечение болезней, улучшение растений • Видео: как работает CRISPR (3 мин)	• Входной тест (5 мин) • Обсуждение: какие гены вы бы отредактировали? • Знакомство с форматом задач НТО • Простая задача: найти нужный участок в последовательности ДНК	• Объяснять, что такое CRISPR простыми словами • Приводить примеры применения геномного редактирования
2. Три компонента CRISPR: Cas9, гРНК, РАМ	• Cas9 — белок-«ножницы», разрезает ДНК • гРНК — «GPS-навигатор», направляет Cas9 к нужному месту • РАМ (NGG) — «замочная скважина», без неё Cas9 не режет • Главное правило: Cas9 режет за 3 нуклеотида ДО РАМ	• Входной тест (5 мин) • Задачи НТО: поиск РАМ (NGG) в последовательности • Задачи НТО: определение места разреза • Задачи НТО: подбор спейсера гРНК для мишени	• Находить РАМ-последовательность (NGG) в цепи ДНК • Определять точное место разреза (3 н.п. до РАМ) • Подбирать последовательность спейсера для гРНК
3. Что происходит после разреза: NHEJ и HDR	• Клетка сама «чинит» разрыв — два способа • NHEJ — быстрый ремонт «как получится» → ошибки (вставки/делеции) • HDR — точный ремонт по шаблону → нужна ДНК-донор • Аналогия: заклеить книгу скотчем (NHEJ)	• Входной тест (5 мин) • Задачи НТО: определить тип репарации по результату • Задачи НТО: предсказать результат — будет ли ошибка? • Анализ: сравнение последовательностей до и после редактирования	• Различать NHEJ (с ошибками) и HDR (точный) • Предсказывать результат редактирования • Определять тип изменения по секвенограмме

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения
	vs переписать страницу (HDR)		
4. Нокаут гена: как «выключить» ген	• Нокаут = выключение гена навсегда • Механизм: NHEJ → вставка/делеция → сдвиг рамки → стоп-кодон • Сдвиг рамки: если не кратно 3 — белок не работает • Зачем делают нокауты: узнать функцию гена	• Входной тест (5 мин) • Задачи НТО: определить, какие последовательности — нокауты • Расчёт: сдвинется ли рамка считывания? (+1, +2, -1, -2 = сдвиг; +3, -3 = нет) • Задачи НТО: анализ результатов эксперимента по нокауту	• Объяснять механизм нокаута гена • Определять, приведёт ли мутация к сдвигу рамки • Анализировать результаты нокаута по секвенированию
5. Как выбрать мишень: дизайн гРНК	• Хорошая гРНК: GC-состав 40-60%, длина спейсера 20 н. • Где искать: рядом с началом гена, после РАМ • Плохая гРНК: много повторов, слишком много G или C • Инструмент CRISPOR: вводим последовательность → получаем варианты	• Входной тест (5 мин) • Практикум: работа в CRISPOR — ввод последовательности гена • Анализ результатов: выбор лучшей гРНК из списка • Задачи НТО: обоснование выбора гРНК	• Использовать CRISPOR для дизайна гРНК • Выбирать лучшую гРНК по критериям (GC, позиция) • Обосновывать свой выбор
6. Как проверить результат редактирования	• Шаг 1: ПЦР — размножить участок с редактированием • Шаг 2: Электрофорез — изменился ли размер? • Шаг 3: Секвенирование — что именно изменилось? • Связь с модулем «Методы МД»	• Входной тест (5 мин) • Задачи НТО: анализ электрофореграмм (размер фрагментов) • Задачи НТО: сравнение секвенограмм до/после • Вывод: успешно ли редактирование?	• Выбирать метод проверки редактирования • Анализировать электрофореграммы • Находить изменения в секвенограмме
7. Решение комплексных задач НТО	• Алгоритм решения: мишень → РАМ → гРНК → результат → проверка • Чек-лист: что проверить перед ответом	• Входной тест (5 мин) • Задачи инженерного тура НТО прошлых лет • Работа в парах: решение полного цикла задачи • Разбор решений, обсуждение ошибок	• Решать задачи НТО по геномному редактированию • Применять алгоритм от выбора мишени до проверки

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения
	• Типичные ошибки и как их избежать		• Находить и исправлять ошибки в решениях

Методическая карта модуля «Лабораторный интенсив по молекулярной диагностике»

Этап 1 (кружок)

(12 академических часов, 6 занятий по 2 ак.ч.)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 класс).

Предварительные требования: Все модули 1 года обучения, особенно «Методы исследования в молекулярной биологии»; модули «Молекулярная биология» (2 год), «Введение в геномное редактирование», «Программирование на Python (продвинутый)».

Ключевой результат обучения: самостоятельно выполнять полный цикл молекулярно-диагностического эксперимента (дизайн праймеров, ПЦР, электрофорез, рестрикция, генотипирование), интерпретировать результаты и работать в команде в условиях, приближенных к формату заключительного этапа НТО.

Технология обучения: перевернутый класс – теория изучается по конспектам на платформе до занятия; основное время занятия отводится лабораторным практикумам и формирующим оценочным мероприятиям.

Место в программе: данный модуль проводится наставником в кружке. По завершении модуля обучающиеся переходят к этапу 2 – образовательному интенсиву на базе университета (18 ак.ч., 3 дня). Занятие 6 включает выдачу материалов для самоподготовки к интенсиву.

Ключевые понятия и навыки, которые напоминаем

Понятие / навык	Где изучено	Где напоминаем
Праймеры, их роль в ПЦР, мастер-микс	Занятие 7-8 «Методы исследования в МБ» (1 год); Занятие 2-3 модуля МД (2 год)	Занятия 1, 2
Рестриктазы, сайты узнавания, предсказание фрагментов	Занятие 10 «Рестрикционный анализ» (1 год); Занятие 4 модуля МД (2 год)	Занятие 3
Генотип, гомозигота, гетерозигота	Модуль «Основы генетики» (1 год); Занятие 5 модуля МД (2 год)	Занятия 3, 4

Выделение ДНК из биологических образцов	Занятие 4-5 «Методы исследования в МБ» (1 год); Занятие 8 модуля МД (2 год)	Занятие 5
Клонирование in silico, ПЦР in silico (UGENE)	Занятие 7-8 «Молекулярная биология» (2 год)	Занятие 6
CRISPR-Cas9, PAM, gPHK, NHEJ, HDR	Модуль «Введение в ГР» (2 год)	Занятие 6 (контекст проверки редактирования)
Дизайн праймеров с вложенными сайтами рестрикции	Занятие 7 «Молекулярная биология» (2 год)	Занятие 1 (Primer-BLAST), Занятие 6

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
1. Критерии хороших праймеров и дизайн в Primer-BLAST	НАПОМИНАНИЕ: праймеры – «закладки», определяющие границы копируемого участка (занятие 7, 1 год; занятие 2, модуль МД). НОВОЕ: самостоятельный дизайн праймеров для целевого гена в Primer-BLAST (в МД – демонстрация педагогом, теперь – полностью самостоятельно). Чек-лист критериев: длина 18-25 нт, GC-состав 40-60%, Tm 55-65C, разница Tm между прямым и обратным не более 5C, отсутствие самокомплементарности и шпилечных	Напоминание: что такое праймеры? Для чего нужны? (мини-опрос 5 мин). Заполнение чек-листа для 5 праймеров: определить, какие соответствуют критериям, какие нет. Задача: из трех пар праймеров выбери лучшую, обоснуй. Практикум в Primer-BLAST: подбор праймеров для гена по заданию педагога. Задачи НТО 3.2.1.14-15: подбор праймеров (2-3 балла)	Оценивать праймеры по чек-листу критериев качества (длина, Tm, GC, самокомплементарность). Объяснять, что такое Tm и почему Tm обоих праймеров должны быть близки. Выбирать лучшую пару праймеров из предложенных вариантов с обоснованием. Самостоятельно подбирать праймеры в Primer-BLAST для заданного гена	Компьютерный класс с интернетом (Primer-BLAST), рабочие листы с чек-листом критериев праймеров, задачи НТО (раздаточный материал), проектор

	структур. Связь с финалом НТО: дизайн праймеров – инвариантный элемент задания каждый год			
2. ПЦР-практикум «Определение пола»	Набор «Определение пола человека». Принцип: амплификация участков, специфичных для X и Y хромосом. Разный размер продуктов: у женщин (XX) – одна полоса, у мужчин (XY) – две полосы. НАПОМИНАНИЕ: мастер-микс, контроли К+ и К- (занятие 8, 1 год; занятие 3, модуль МД). НОВОЕ: полностью самостоятельный расчет и проведение без подсказок (в 1 году – с помощью педагога). Обязательное предсказание результата до запуска ПЦР: каждый рисует ожидаемую картину геля	Напоминание: что входит в мастер-микс? Зачем нужны контроли? (5 мин). Лабораторная работа: ПЦР с набором «Определение пола». Самостоятельный расчет мастер-микса по инструкции. Предсказание: до запуска ПЦР каждый рисует ожидаемый гель (какие полосы, какие размеры). Сравнение предсказания с реальным результатом на следующем занятии. Самооценка: «Что далось легко, где ошибся?»	Самостоятельно рассчитывать мастер-микс по инструкции без подсказок. Планировать эксперимент: определять контроли и порядок образцов. Предсказывать ожидаемый результат ПЦР до эксперимента. Выполнять ПЦР самостоятельно	Амплификатор (16 лунок), набор «Определение пола человека», дозаторы (2-20 мкл – 4 шт., 20-200 мкл – 5 шт.), наконечники с фильтром, пробирки 0.2 мл, штатив охлаждающий или лед, ДНК образцов
3. Генотипирование: рестрикция + электрофорез	НАПОМИНАНИЕ: рестриктазы, сайты узнавания, предсказание фрагментов (занятие 10, 1 год; занятие 4, модуль МД). НОВОЕ: акцент на связи SNP с сайтом рестрикции и	Напоминание: что такое рестриктазы? (5 мин). Электрофорез ПЦР-продуктов из занятия 2. Анализ результатов определения пола. Задачи	Объяснять, как SNP влияет на сайт рестрикции. Предсказывать картину полос на электрофорезе для всех генотипов (гомозиготы дикого типа, гомозиготы мутантной,	Компьютерный класс с UGENE, камера для электрофореза, источник питания, трансиллюминатор, ПЦР-продукты из занятия 2,

	интерпретации генотипов. Электрофорез ПЦР-продуктов из занятия 2. Рестрикция продуктов ПЦР рестриктазой. Анализ: SNP – замена одной «буквы» в ДНК; замена может создать или уничтожить сайт рестрикции. Интерпретация: гомозигота дикого типа, гомозигота мутантная, гетерозигота – разные картины полос. Практикум в UGENE: виртуальная рестрикция для проверки предсказаний	НТО 3.2.1.7-8: по электрофореграмме определи генотип (2-3 балла). Практикум в UGENE: виртуальная рестрикция последовательности, сравнение результата с предсказанием. Заполнение таблицы: генотип – ожидаемые полосы – наблюдаемые полосы	гетерозиготы). Использовать UGENE для виртуальной рестрикции. Интерпретировать результаты генотипирования по электрофореграмме	рестриктаза, буфер, дозаторы, пробирки 1.5 мл
4. ПЦР-практикум «Популяционная генетика»	Набор «Равновесие в популяции». Определяем: полиморфизм, встречающийся в популяции с разной частотой. НАПОМИНАНИЕ: генотип, гомозигота, гетерозигота (модуль «Основы генетики», 1 год; занятие 5, модуль МД). НОВОЕ : полностью самостоятельная работа без промежуточного контроля педагога. Полный цикл: ПЦР + электрофорез. Определение	Напоминание: генотип, гомозигота, гетерозигота (5 мин). Лабораторная работа: ПЦР с набором «Равновесие в популяции». Полностью самостоятельная работа. Электрофорез и определение генотипов. Заполнение общей таблицы результатов группы. Подсчет частот аллелей. Обсуждение: соответствует	Выполнять ПЦР полностью самостоятельно. Определять генотип по картине электрофореза. Подсчитывать соотношение генотипов и частоты аллелей в группе. Делать простые выводы о частоте аллелей в выборке	Амплификатор, набор «Равновесие в популяции», камера для электрофореза, источник питания, трансиллюминатор, дозаторы, микроцентрифуга-вортекс, калькулятор, таблица для сбора данных группы

	генотипов всех образцов группы. Заполнение общей таблицы. Подсчет частот аллелей в группе.	ли распределение ожидаемому по закону Харди-Вайнберга?		
5. ПЦР-практикум «Анализ продуктов питания»	Набор «Определение ГМО в продуктах питания» или «Состав злаков в хлебе». Особенность: ДНК из продуктов питания часто повреждена (термообработка, консерванты). Что детектируем (ГМО): промотор 35S или терминатор NOS. НАПОМИНАНИЕ: выделение ДНК (занятие 4-5, 1 год; занятие 8, модуль МД). НОВОЕ : работа в парах, полная самостоятельность, акцент на интерпретации результатов в практическом контексте (соответствие маркировке). Связь с финалом НТО: работа со сложными образцами, где результат не всегда однозначен	Лабораторная работа в парах: выделение ДНК из хлеба или соевого продукта + ПЦР. Полностью самостоятельная работа. Электрофорез и интерпретация. Сравнение результата с информацией на этикетке продукта. Обсуждение результатов группы: совпадают ли результаты разных пар? Почему могут быть расхождения? Рефлексия: «Какой этап вызвал наибольшие затруднения?»	Выделять ДНК из сложных биологических образцов (продукты питания). Объяснять особенности работы с деградированной ДНК. Выполнять полный цикл анализа (выделение, ПЦР, электрофорез) самостоятельно. Интерпретировать результаты в практическом контексте	Амплификатор, набор «Определение ГМО» или «Состав злаков», камера для электрофореза, трансиллюминатор, дозаторы, микроцентрифуга-вортекс, образцы продуктов питания (хлеб, соевый продукт)
6. Командный практикум: мини-симуляция НТО	Симуляция заключительного этапа НТО 8-9 классов. Формат: работа в командах по 4 человека с распределением	Командная работа (4 человека): распределение ролей (биоинформатик / лаборант). Этап 1 (15 мин):	Распределять роли и координировать действия в команде из 4 человек. Выполнять полный цикл молекулярно-диагностического	Амплификатор, любой набор ПЦР, камера для электрофореза, источник питания, трансиллюми

	ролей: 1-2 биоинформатика + 2-3 лаборанта. Этапы: 1) Расчет ПЦР-смеси по инструкции (15 мин); 2) Выполнение ПЦР (15 мин на постановку + время амплификации); 3) Задание в UGENE – поиск сайтов рестрикции, виртуальная ПЦР in silico (20 мин, биоинформатики); 4) Электрофорез + интерпретация (20 мин, лаборанты); 5) Командная презентация результатов (10 мин). Жесткий тайминг с таймером. Взаимооценивани е команд по критериям. Рефлексия: «Что я теперь умею» – заполнение листа самооценки по навыкам модуля	расчет ПЦР- смеси. Этап 2 (15 мин): постановка ПЦР. Этап 3 (20 мин): задание в UGENE (биоинформати ки) параллельно с подготовкой электрофореза (лаборанты). Этап 4 (20 мин): электрофорез + интерпретация . Этап 5 (10 мин): презентация результатов. Взаимооценив ание команд по критериям НТО. Заполнение листа рефлексии «Что я теперь умею». Выдача материалов для самоподготовк и к интенсиву	анализа в условиях, приближенных к НТО. Укладываться во временные рамки. Презентовать результаты эксперимента. Оценивать работу других команд по заданным критериям. Оценивать собственный уровень владения навыками модуля	натор, компьютеры с UGENE, дозаторы, таймер, критерии оценки (раздаточный материал), листы рефлексии «Что я теперь умею», материалы для самоподготов ки к интенсиву
--	---	--	---	---

Задачи НТО, интегрированные в модуль

Занятие	Задачи НТО	Баллы	Этап НТО
1	3.2.1.14-15 (праймеры, комплементарность)	2-3	Отборочный
3	3.2.1.7-8 (электрофорез, генотипирование)	2-3	Отборочный
6	Симуляция заключительного этапа 8-9 классов (ПЦР + UGENE + электрофорез)	5-15	Заключительный

Наборы ПЦР, используемые в модуле

Набор	Занятие	Что отрабатываем
-------	---------	------------------

«Определение пола человека»	2, 3	Самостоятельный расчет мастер-микса, предсказание результата, генотипирование по электрофорезу
«Равновесие в популяции»	4	Полностью самостоятельная работа, определение генотипов, статистика популяции
«Определение ГМО» или «Состав злаков»	5	Выделение ДНК из сложных образцов, интерпретация в практическом контексте
Любой из оставшихся	6	Итоговый командный практикум – симуляция НТО

Оборудование модуля

Оборудование	Занятия	Примечания
Амплификатор (16 лунок)	2, 4, 5, 6	Основной прибор для ПЦР
Камера для электрофореза (1 шт.)	3, 4, 5, 6	
Источник питания (1 шт.)	3, 4, 5, 6	
Трансиллюминатор (1 шт.)	3, 4, 5, 6	
Дозаторы 2-20 мкл (4 шт.), 20-200 мкл (5 шт.)	2, 3, 4, 5, 6	Из инфраструктурного листа модуля МД
Микроцентрифуга-вортекс (1 шт.)	2, 4, 5	
Штатив охлаждающий для пробирок 0.2 мл (4 шт.)	2, 4, 5, 6	
Контейнер для льда (2 шт.)	2, 4, 5, 6	
Компьютерный класс с UGENE и интернетом	1, 3, 6	Установить UGENE и Primer-BLAST заранее
Проектор мультимедийный (1 шт.)	1, 6	

Сводная информация по модулю

Распределение часов по типам деятельности

Тип деятельности	Занятия	Часы	Процент
Биоинформатика (Primer-BLAST, UGENE)	1, 3 (частично), 6 (частично)	4	33%
Лабораторные практикумы (ПЦР, электрофорез, рестрикция)	2, 3, 4, 5, 6	8	67%
Итого	6	12	100%

Межмодульные связи

Занятие	Связь с модулем	Как реализуется
1	«Методы исследования в МБ» (1 год)	Пререквизит: праймеры, их роль, Primer-BLAST
2, 4, 5	«Методы исследования в МБ» (1 год)	Пререквизит: ПЦР, мастер-микс, контроли, электрофорез
3	«Основы генетики» (1 год)	Пререквизит: генотип, гомозигота, гетерозигота
3	«Молекулярная биология» (2 год)	Пререквизит: рестриктазы, клонирование in silico
5	«Основы молекулярной биологии» (1 год)	Пререквизит: выделение ДНК из биологических образцов
6	«Введение в ГР» (2 год)	Пререквизит: CRISPR-Cas9, проверка редактирования
6	Этап 2 – интенсив на базе университета	Мини-симуляция как подготовка к интенсиву; выдача материалов для самоподготовки

Подготовка педагога

Установить на компьютеры:

- UGENE (<https://ugene.net/download-all.html>).
- Обеспечить доступ к Primer-BLAST (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>).

Скачать из NCBI заранее (резерв при проблемах с интернетом):

- Ген BRCA1 человека (NG_005905) – формат GenBank.
- Примеры последовательностей для занятий 3, 6.

Подготовить раздаточные материалы:

- Чек-лист критериев хороших праймеров (занятие 1).
- Задачи НТО для занятий 1, 3 (отборочный этап 8-9 классов).
- Критерии оценки для взаимооценивания (занятие 6).
- Листы рефлексии «Что я теперь умею» (занятие 6).
- Материалы для самоподготовки к интенсиву: конспекты по трансформации бактерий, сайт-направленному мутагенезу, формату SAM, эссе НТО, обзору Ensembl/OligoCalc (занятие 6 – выдача).

Проверить перед началом модуля:

- Наличие всех наборов ПЦР (3-4 разных для модуля).
- Сроки годности реактивов (рестриктазы, буферы, наборы ПЦР).
- Работоспособность оборудования (амплификатор, камера электрофореза, трансиллюминатор).
- Результаты модуля «Введение в ГР» (для интеграции на занятии 6).

Методическая карта модуля
«Образовательный интенсив: подготовка к финалу НТО»
Этап 2, 2 год обучения

(18 академических часов, 3 дня по 6 ак.ч., два параллельных трека)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 класс).

Площадка: университет (лаборатория молекулярной биологии + компьютерный класс).

Предварительные требования: Все модули 1 и 2 года обучения. Модуль «Лабораторный интенсив: молекулярная диагностика» (этап 1, 2 год). Самоподготовка по конспектам на платформе (7 тем – см. таблицу ниже).

Ключевой результат обучения: решать комплексные задачи формата заключительного этапа НТО в команде из 4 человек с распределением ролей (биоинформатик / молекулярный биолог), интегрируя лабораторные и биоинформатические методы в единый экспериментальный цикл в условиях ограниченного времени.

Технология обучения: перевернутый класс (теория – на платформе до интенсива); командное проектирование (Team-based Learning); параллельные треки с точками интеграции; симуляция финала НТО.

Формат: два параллельных трека – [Л] Лаборатория (2-3 участника) и [Б] Биоинформатика (1-2 участника) – с совместными командными сессиями [К] в конце каждого дня.

Содержание для изучения на платформе до интенсива

Материалы выдаются не позднее чем за 7 дней до начала интенсива. Формат: текстовые конспекты + короткие видеообзоры (5-10 мин). Все обучающиеся изучают все конспекты; входные проверки в начале каждого блока интенсива проверяют усвоение.

№	Тема конспекта	Содержание (понятия и концепции)	Для каких блоков интенсива необходимо
1	Сайт-направленный мутагенез	Принцип ПЦР-мутагенеза: праймеры с мисматчем (намеренным несовпадением), мутагенная ПЦР, роль высокоточной ДНК-полимеразы (Phusion). Фермент DpnI: расщепление метилированной матричной ДНК (бактериальное метилирование по аденину, GATC). Типы мутаций: точечные замены, делеции, инсерции. Механизмы репарации ДНК: прямая репарация, эксцизионная репарация (BER, NER), мисматч-репарация (MMR). Различие	День 1, блок 1.1 (трек Л); практикум по расчету ПЦР-мутагенеза. День 3, блок 3.2 (трек Л); теоретический тест

		между случайным и сайт-направленным мутагенезом. Расчет реакционной смеси: концентрации компонентов, объем воды mQ	
2	Трансформация бактерий	Понятие трансформации: введение экзогенной ДНК в бактериальную клетку. Компетентные клетки: что это, как получают (CaCl₂-метод). Методы трансформации: химическая (тепловой шок) и электропорация (принцип, параметры). Штаммы E. coli для клонирования: DH5alpha (клонирование), BL21(DE3) (экспрессия); различия и выбор. SOC-среда: состав и назначение (восстановление клеток после электропорации). Селекция трансформантов: антибиотикорезистентность (ампициллин, канамицин), ИПТГ, сине-белая селекция (lacZ, X-Gal). Структурные элементы плазмиды: ori, промотор, терминатор, MCS (множественный сайт клонирования), маркер устойчивости к антибиотику	День 1, блок 1.2 (трек Л): практикум по трансформации. День 3, блок 3.2 (трек Л): теоретический тест
3	Формат SAM и CIGAR-строки	Что такое SAM-файл: формат хранения результатов выравнивания секвенированных ридов на референсный геном. Заголовок SAM-файла: строки @HD, @SQ, @RG. Поля записи (11 обязательных): QNAME (имя рида), FLAG (битовый флаг), RNAME (хромосома), POS (позиция), MAPQ (качество картирования), CIGAR (строка выравнивания), RNEXT, PNEXT, TLEN, SEQ (последовательность), QUAL (качество). CIGAR-строка: символы M (совпадение/замена), I (инсерция в рида), D (делеция в рида), S (мягкое обрезание), N (пропуск на референсе). Примеры парсинга: 50M = 50 совпадений; 30M2I18M = 30 совпадений, инсерция 2 нт, 18 совпадений. Связь с мутагенезом: как по SAM-файлу обнаружить введенную мутацию	День 1, блоки 1.1-1.2 (трек Б): практикум Python. День 3, блок 3.1 (трек Б): симуляция
4	Рестрикционный анализ: буферы	Буферные системы для рестриктаз: SE-буферы (СибЭнзим), NEB-буферы. Принцип	День 2, блок 2.1 (трек Л): лабораторная

	и совместимость ферментов	совместимости: разные ферменты требуют разных условий (концентрация соли, pH). Двойная рестрикция: подбор буфера, в котором оба фермента активны не менее 75%. Звездчатая активность (*-активность): неспецифическое расщепление при неоптимальных условиях (избыток фермента, глицерин, низкая ионная сила). Таблицы совместимости ферментов: как читать. Расчет объемов для реакции рестрикции: ДНК, фермент, буфер, вода	рестрикция. День 2, блок 2.2 (трек Л): интерпретация. День 3, блок 3.2 (трек Л): теоретический тест
5	Работа в Ensembl и OligoCalc	Ensembl: база данных геномов. Поиск гена по названию. Страница гена: транскрипты, структура (экзоны/интроны), CDS (кодирующая последовательность). Идентификаторы: ENSG (ген), ENST (транскрипт), ENSP (белок). Экспорт последовательности в формате FASTA. Пример: поиск гена BCR-ABL1, определение формы e1a2. OligoCalc: онлайн-калькулятор параметров олигонуклеотидов. Расчет Tm (температуры плавления) по формулам: метод ближайших соседей, упрощенная формула Уоллеса. GC-состав. Проверка на шпилечные структуры и самодимеризацию. Связь с дизайном праймеров: Tm 55-60C, разница между прямым и обратным не более 2C	День 2, блок 2.1 (трек Б): биоинформатический практикум. День 3, блок 3.2 (трек Б): симуляция
6	Биохимия белков (обзор для теоретического теста)	Аминокислоты: общая структура (аминогруппа, карбоксильная группа, R-радикал), 20 стандартных аминокислот, классификация по свойствам R-группы (неполярные, полярные, заряженные). Пептидная связь: образование, планарность. Уровни организации белка: первичная (последовательность), вторичная (альфа-спираль, бета-лист), третичная, четвертичная. Изоэлектрическая точка (pI): pH, при котором суммарный заряд белка равен нулю. Электрофорез белков: принцип,	День 3, блок 3.2 (трек Л): теоретический тест

		SDS-PAGE (денатурирующий, разделение по массе), нативный электрофорез	
7	Научное эссе: формат НТО	Формат эссе НТО: до 2000 символов с пробелами. Критерии оценки: наличие тезиса, аргументация с конкретными примерами, логическая структура, грамотность. Структура: введение (постановка проблемы, тезис) – основная часть (2-3 аргумента с примерами из науки/технологий) – заключение (вывод, перспективы). Типичные темы: «Большие вызовы» НТИ, этика геномного редактирования, применение биотехнологий, персонализированная медицина. Пример разбора: эссе 2024-2025 о медицинской кибернетике	День 3, блок 3.3 (все): написание эссе

Ключевые понятия и навыки, сформированные ранее

Понятие / навык	Где изучено	Где применяется на интенсиве
ПЦР: расчет мастер-микса, контроли, программа амплификации	«Методы исследования в МБ» (1 год); Модуль «Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год)	День 1 (мутагенез), День 3 (симуляция)
Электрофорез: приготовление геля, нанесение образцов, интерпретация	«Методы исследования в МБ» (1 год); Модуль «Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год)	Дни 2, 3 (рестрикция, симуляция)
Рестриктазы, сайты узнавания, предсказание фрагментов	«Методы исследования в МБ» (1 год); «Молекулярная биология» (2 год)	День 2 (рестрикционный анализ)
Клонирование in silico (UGENE), ПЦР in silico	«Молекулярная биология» (2 год, занятия 7-8)	Дни 2, 3 (клонирование in silico)
Дизайн праймеров с вложенными сайтами рестрикции	«Молекулярная биология» (2 год); «Лабораторный интенсив» (этап 1)	Дни 2, 3 (дизайн праймеров)
Python: строки, файлы, функции, циклы, словари, регулярные выражения	«Python начальный» (1 год); «Python продвинутый» (2 год)	День 1 (SAM/CIGAR), День 3 (симуляция)
Работа с FASTA, NCBI, UGENE	«Методы исследования в МБ» (1 год); «Python продвинутый» (2 год)	Дни 1-3

CRISPR-Cas9, PAM, гРНК, стратегии проверки редактирования	«Введение в ГР» (2 год)	День 1 (контекст мутагенеза), День 3
Плазмидные векторы: ori, промотор, MCS, маркер устойчивости	«Молекулярная биология» (2 год, занятия 2, 7-8)	Дни 1-2 (трансформация, клонирование)

Тематический план интенсива

Блок	Время	Трек [Л] Лаборатория (2-3 чел.)	Трек [Б] Биоинформатика (1-2 чел.)	Результат обучения	Формирующие оценочные мероприятия
Сквозной кейс: команда получает ген-мишень с точечной мутацией. Задача: спланировать мутагенез, провести трансформацию, проанализировать результаты секвенирования.					
1.1	90 мин	Сайт-направленный мутагенез. Анализ протокола задания НТО 2024-2025 (конспект 1 -- с платформы). Расчет реакционной смеси для ПЦР-мутагенеза (объем воды mQ). Проектирование праймера с мисматчем для введения точечной замены. Постановка ПЦР-мутагенеза (при наличии реагентов) или заполнение лабораторного журнала по протоколу	Формат SAM и парсинг CIGAR-строк (конспект 3 -- с платформы). Разбор структуры SAM-файла на реальном примере. Написание Python-скрипта: чтение SAM-файла, парсинг CIGAR-строки (регулярное выражение), определение типов мутаций (делеции, инсерции) и их позиций	[Л] Объяснять принцип сайт-направленного мутагенеза и роль DpnI. Рассчитывать состав реакционной смеси по протоколу. Проектировать праймер для введения точечной мутации. [Б] Объяснять структуру SAM-файла и значение полей CIGAR. Парсить CIGAR-строку для определения типа и позиции мутаций	[Л] Входная проверка (5 мин): назвать 3 отличия сайт-направленного мутагенеза от обычной ПЦР (по конспекту 1). Расчет мастер-микса по протоколу НТО. Проверка: педагог верифицирует расчет перед постановкой. [Б] Входная проверка (5 мин): нарисовать схему записи SAM-файла (по конспекту 3). Практикум: парсинг тестового SAM-файла. Промежуточная проверка: скрипт корректно разбирает 5 тестовых CIGAR-строк
1.2	90 мин	Трансформация бактерий (конспект 2 -- с платформы). Электропорация компетентных клеток E. coli плазмидой (при наличии оборудования) или пошаговый разбор протокола с расчетами (объемы, разведения, время инкубации, температура). Высев на селективные среды с антибиотиком и ИПТГ. Решение задач НТО по	Продолжение Python. Фильтрация мутаций по порогу частоты (10%): подсчет встречаемости каждой мутации, расчет частоты относительно общего числа ридов, отсечение по порогу. Визуализация: гистограмма распределения	[Л] Различать методы трансформации (химическая, электропорация) и выбирать оптимальный. Объяснять принцип селекции трансформантов. Предсказывать результат высева на селективную среду. [Б] Писать скрипт фильтрации мутаций по порогу частоты.	[Л] Входная проверка (5 мин): перечислить этапы трансформации (по конспекту 2). Решение 3-4 задач НТО по трансформации (индивидуально, 20 мин). Обсуждение ответов в парах. [Б] Задача НТО: анализ SAM-файла, вывод списка мутаций с частотами. Код-ревью в парах: проверка

Блок	Время	Трек [Л] Лаборатория (2-3 чел.)	Трек [Б] Биоинформатика (1-2 чел.)	Результат обучения	Формирующие оценочные мероприятия
		трансформации: выбор штамма, предсказание результата высева, анализ контролей	мутаций по позициям (matplotlib). Задача по образцу НТО 2024-2025: полный анализ предоставленного SAM-файла, список мутаций с частотами	Визуализировать распределение мутаций	скрипта партнера на тестовых данных.
1.3	90 мин	[К] Совместная сессия. Вся команда (4 человека). Биоинформатики представляют результаты анализа SAM-файла: какие мутации обнаружены, какие частоты. Лаборанты представляют протокол мутагенеза и результаты/план трансформации. Совместная интерпретация: как данные секвенирования подтверждают или опровергают успешность мутагенеза. Рефлексия дня: что получилось, где были узкие места, что нужно доработать	[К] Интерпретировать результаты секвенирования в контексте лабораторного эксперимента. Представлять результаты другим членам команды в структурированной форме	[К] Командная презентация (10 мин на команду): биоинформатик показывает график мутаций, лаборант объясняет протокол. Вопросы от других команд и преподавателей. Лист рефлексии: «Главный урок дня»	
Сквозной кейс: команда проектирует клонирование терапевтического гена в экспрессионный вектор -- от поиска последовательности в базе данных до проверки рестрикционным анализом.					
2.1	90 мин	Рестрикционный анализ неизвестных плазмид (конспект 4 -- с платформы). Кейс: получены колонии после трансформации, нужно подтвердить вставку. Выбор пар рестриктаз, подбор буферов по таблице совместимости (звездчатая активность). Постановка реакции рестрикции. Электрофорез продуктов рестрикции.	Работа в Ensembl и OligoCalc (конспект 5 -- с платформы). Поиск гена в Ensembl по названию. Анализ транскриптов, определение CDS. Экспорт последовательности в FASTA. OligoCalc: расчет Tm и параметров олигонуклеотидов. Комплексная задача: поиск гена	[Л] Планировать рестрикционный анализ (выбор ферментов, буферов). Выполнять рестрикцию и электрофорез для подтверждения вставки. Объяснять звездчатую активность и ее влияние на результат. [Б] Находить и анализировать информацию о гене в	[Л] Входная проверка (5 мин): что такое звездчатая активность? (по конспекту 4). Лабораторная работа: рестрикция 2-3 образцов с разными парами ферментов. Заполнение таблицы: предсказанные длины vs. наблюдаемые. [Б] Входная проверка (5 мин): открыть Ensembl, найти заданный ген, назвать число

Блок	Время	Трек [Л] Лаборатория (2-3 чел.)	Трек [Б] Биоинформатика (1-2 чел.)	Результат обучения	Формирующие оценочные мероприятия
		Интерпретация: сопоставление наблюдаемых полос с предсказанными длинами фрагментов	(например, BCR- ABL1), определение экзонной структуры, подготовка данных для дизайна праймеров. Передача данных лаборантам: карта плазмиды и предсказанные длины фрагментов	Ensembl. Рассчитывать параметры олигонуклеотидов в OligoCalc	транскриптов (по конспекту 5). Практикум: полный цикл от поиска гена до расчета Tm праймеров
2.2	90 мин	Интерпретация электрофореграмм рестрикции. Сопоставление наблюдаемых длин с предсказанными (данные от биоинформатиков). Вывод об успешности клонирования. Решение задач НТО по рестрикционному анализу: подбор буферов, совместимость ферментов, расчет длин фрагментов по карте плазмиды	Клонирование in silico в UGENE. Дизайн праймеров с вложенными сайтами рестрикции (комплементарный участок 18-22 нт + сайт рестрикции + 6 нт). ПЦР in silico. Виртуальная рестрикция и лигирование. Проверка ориентации вставки. Экспорт файла .gbr. Передача файла лаборантам для планирования проверочной рестрикции	[Л] Интерпретировать электрофореграмму и делать вывод об успешности клонирования. Решать задачи НТО по рестрикции. [Б] Проектировать праймеры с вложенными сайтами рестрикции. Выполнять клонирование in silico (ПЦР, рестрикция, лигирование, проверка)	[Л] Задачи НТО: 3-4 задачи по рестрикционному анализу (индивидуально, 25 мин). Анализ электрофореграммы: определить, какие из 3 колоний содержат правильную вставку. [Б] Практикум: создание рекомбинантной плазмиды в UGENE. Чек-поинт: файл .gbr с обоснованием выбора рестриктаз и последовательностями праймеров
2.3	90 мин	[К] Совместная сессия. Вся команда (4 человека). Интеграционный кейс формата НТО (упрощенный). Каждая команда получает задание: спланировать полный путь от целевого гена до подтвержденной рекомбинантной плазмиды. Этапы: выбор вектора, дизайн праймеров, ПЦР, рестрикция- лигирование, трансформация (протокол), проверка (рестрикционный анализ). Распределение	[К] Проектировать полный экспериментальный цикл клонирования в команде. Обосновывать выбор методов и инструментов на каждом этапе. Выявлять потенциальные ошибки в плане эксперимента при рецензировании	[К] Командная защита (10-15 мин на команду): презентация плана клонирования с обоснованием. Вопросы от рецензирующей команды. Перекрестное рецензирование по критериям: полнота плана, обоснованность выбора, реалистичность. Бланк оценки	

Блок	Время	Трек [Л] Лаборатория (2-3 чел.)	Трек [Б] Биоинформатика (1-2 чел.)	Результат обучения	Формирующие оценочные мероприятия
		ролей. Командная защита плана перед группой: обоснование выбора на каждом этапе. Перекрестное рецензирование: каждая команда оценивает план другой команды, выявляя потенциальные ошибки			
<i>Весь день моделирует условия заключительного этапа: команда из 4 человек получает комплексное задание, работает в жестком тайминге с чек-поинтами.</i>					
3.1	90 мин	Лабораторный блок симуляции. Постановка ПЦР по заданному протоколу (расчет мастер-микса, определение контролей). Параллельно: рестрикция образцов. Чек-поинт 1 (строгий тайминг): сдать пробирки с ПЦР-смесью и письменные расчеты преподавателю	Python-блок симуляции. Задача определяется жребием (формат НТО): Вариант А -- парсинг SAM-файла, список мутаций с частотами; Вариант Б -- чтение FASTA, поиск мишеней CRISPR (PAM + спейсер). Чек-поинт 1: сдать работающий скрипт и результаты анализа	[Л] Выполнять ПЦР и рестрикцию в условиях жесткого тайминга с чек-поинтами. [Б] Решать Python-задачу формата НТО в ограниченное время	Чек-поинт 1 (60 мин от старта): [Л] сдача пробирок и расчетов. [Б] сдача скрипта. Оценка по критериям НТО: правильность расчетов, работоспособность кода, своевременность
3.2	90 мин	Электрофорез продуктов ПЦР и рестрикции. Интерпретация электрофореграмм. Теоретический тест (20 мин): мутагенез и репарация ДНК (конспект 1), трансформация бактерий (конспект 2), буферы и совместимость ферментов (конспект 4), биохимия белков (конспект 6). Формат: 15-20 вопросов с кратким ответом	Клонирование in silico по сквозному кейсу: поиск гена в Ensembl (конспект 5), дизайн праймеров с расчетом Tm в OligoCalc, рестрикция-лигирование в UGENE, проверка. Чек-поинт 2: сдать файл .gbr, последовательности праймеров с Tm, обоснование выбора вектора и рестриктаз. Обмен данными с лаборантами: предсказанные длины фрагментов для сверки с гелем	[Л] Интерпретировать результаты электрофореза в контексте всего эксперимента. Отвечать на теоретические вопросы формата НТО. [Б] Выполнять полный цикл клонирования in silico в ограниченное время. Обмениваться данными с лаборантами для верификации	Чек-поинт 2 (60 мин от старта блока): [Б] сдача файла .gbr с обоснованием. [Л] теоретический тест (оценка по ключу). Совместная верификация: предсказанные длины (от Б) vs. наблюдаемые полосы (от Л)
3.3	90 мин	[К] Совместная сессия. Вся команда.	[К] Структурировать научное эссе в	Эссе: оценка по критериям НТО	

Блок	Время	Трек [Л] Лаборатория (2-3 чел.)	Трек [Б] Биоинформатика (1-2 чел.)	Результат обучения	Формирующие оценочные мероприятия
		Эссе (индивидуально, 30 мин, до 2000 знаков) (конспект 7 -- с платформы). Тема выдается на месте (формат НТО). Командная рефлексия и разбор (50 мин): анализ ошибок каждого блока, выставление баллов по критериям НТО (лабораторный блок -- 30%, Python/биоинформатика -- 30%, командная защита -- 20%, эссе -- 10%, командное взаимодействие -- 10%). Обсуждение стратегии распределения времени на финале. Формирование индивидуальных планов подготовки	формате НТО. Формулировать тезис и подкреплять его научными аргументами. Анализировать собственные ошибки. Определять направления дополнительной подготовки	(тезис, аргументация, примеры, структура). Взаимное рецензирование эссе в парах. Итоговый бланк самооценки по всем навыкам НТО. Индивидуальный план подготовки (заполняется каждым участником)	

Оборудование и программное обеспечение

Оборудование / ПО	Дни / блоки	Примечания
Лаборатория		
Амплификатор	День 1 (блок 1.1), День 3 (блок 3.1)	Обеспечивает университет
Камера для электрофореза, источник питания	Дни 2, 3	
Трансиллюминатор	Дни 2, 3	
Электропоратор (желательно)	День 1 (блок 1.2)	При отсутствии – разбор протокола
Дозаторы (2-20, 20-200, 100-1000 мкл)	Все дни	Минимум 4 комплекта
Центрифуга настольная	Дни 1, 2	
Термостат / водяная баня (37C)	День 1	Для инкубации после трансформации
Реактивы: компетентные клетки, SOC-среда, чашки с антибиотиком, ИПТГ	День 1 (блок 1.2)	Заказ за 2-3 недели

Рестриктазы (4-6 ферментов), буферы SE	Дни 2, 3	Например: Acc16I, BamHI, PstI, EcoRI
Агароза, буфер TAE, маркер ДНК	Дни 2, 3	
Набор для ПЦР	Дни 1, 3	Можно привезти из кружка
Компьютерный класс		
ПК (8-15 шт.) с Python 3.x, Jupyter Notebook / VS Code	Все дни (трек Б)	Установить: Python, BioPython, matplotlib
UGENE	Дни 2, 3 (трек Б)	Установить заранее
Доступ: Ensembl, OligoCalc, NCBI, CRISPOR, Primer-BLAST	Дни 2, 3	Проверить доступность
Проектор мультимедийный	Все дни	Для совместных сессий [К]
Таймер (часы с обратным отсчетом)	День 3	Для симуляции с чек-поинтами

Подготовка преподавателей интенсива

Координация с наставником кружка (за 3-4 недели до интенсива):

- Получить результаты этапа 1: уровень владения ПЦР, электрофорезом, дозированием; состав команд и распределение ролей.
- Согласовать, какие наборы ПЦР привезут из кружка.
- Убедиться, что материалы для самоподготовки (7 конспектов) выданы обучающимся.

Подготовка лаборатории (за 1-2 недели):

- Заказать компетентные клетки, SOC-среду, чашки с антибиотиком (срок годности!).
- Проверить рестриктазы и буферы, подготовить таблицу совместимости для занятий.
- Приготовить аликвоты: плазмидная ДНК для трансформации и рестрикции.
- Подготовить SAM-файл для трека [Б] (реальные данные или смоделированные).
- Подготовить кейс для клонирования (день 2): ген-мишень, вектор, набор рестриктаз.

Подготовка компьютерного класса:

- Установить Python 3.x, Jupyter Notebook / VS Code, BioPython, matplotlib, NumPy.
- Установить UGENE (<https://ugene.net/download-all.html>).
- Проверить доступ к Ensembl, OligoCalc, NCBI, CRISPOR, Primer-BLAST.

- Скачать резервные копии: последовательности генов, SAM-файлы (на случай проблем с интернетом).

Подготовить раздаточные материалы:

- Протокол задания НТО 2024-2025 (мутагенез, трансформация) – для дня 1.
- Таблица совместимости рестриктаз и буферов – для дня 2.
- Карты плазмид (pUC19, pCMV v3 или аналоги) – для дней 2, 3.
- Задачи НТО: трансформация (день 1), рестрикционный анализ (день 2).
- Критерии оценки для перекрестного рецензирования (день 2).
- Бланк итоговой оценки по критериям НТО (день 3).
- Темы эссе (2-3 варианта, формат НТО) – для дня 3.
- Бланк индивидуального плана подготовки (день 3).

Межмодульные связи

День	Связь с модулем	Как реализуется
1	«Методы исследования в МБ» (1 год)	Пререквизит: ПЦР, мастер-микс, контроли
1	«Молекулярная биология» (2 год)	Пререквизит: плазмидные векторы, структурные элементы
1	«Python продвинутый» (2 год)	Пререквизит: строки, файлы, регулярные выражения, matplotlib
1	«Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год)	Пререквизит: самостоятельная ПЦР, электрофорез, дозирование
2	«Молекулярная биология» (2 год, зан. 7-8)	Пререквизит: клонирование in silico, ПЦР in silico, дизайн праймеров
2	«Введение в ГР» (2 год)	Контекст: проверка редактирования рестрикционным анализом
3	Все предыдущие модули	Интеграция: симуляция объединяет все навыки программы
3	Финал НТО	Прямая подготовка: формат, тайминг, чек-поинты, эссе

Методическая карта модуля

«Проектная деятельность и подготовка к конкурсам»

2 год обучения, после завершения сезона НТО (март – май)

(24 академических часа, 12 занятий по 2 ак.ч.)

Уровень сложности: продвинутый (второй год обучения, 8-9 / 9-10 класс).

Целевая аудитория: все участники кружка – и финалисты НТО, и участники отборочных этапов.

Предварительные требования: все модули 1 и 2 года обучения. Участие в сезоне НТО (любой этап).

Ключевой результат обучения: самостоятельно спроектировать эксперимент в области геномного редактирования, молекулярной диагностики или биотехнологии, используя освоенные инструменты (UGENE, CRISPOR, Primer-BLAST, Python, базы данных), оформить результаты в формате научной работы и подготовить конкурсную заявку.

Технология обучения: проектное обучение (Project-Based Learning) – школьники работают в парах/тройках над самостоятельно выбранной темой; наставник выступает в роли научного руководителя.

Принцип «без новых понятий»: весенний блок не вводит новых научных понятий и инструментов. Все содержание строится на применении знаний и навыков, освоенных в основной программе (разделы 1-4), в контексте самостоятельного исследовательского проекта. Если для конкретного проекта требуется понятие, выходящее за рамки программы, обучающийся осваивает его самостоятельно при консультации наставника.

Продукты блока: (1) индивидуальная карта компетенций; (2) исследовательская работа (5-10 страниц); (3) научный постер; (4) черновик конкурсной заявки; (5) план участия в конкурсах на следующий год.

Тематический план

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудование
1. Рефлексия: анализ опыта участия в НТО	Структурированная рефлексия по итогам сезона НТО. Для финалистов: разбор заданий заключительного этапа текущего года, анализ	Заполнение опросника самооценки по навыкам НТО (шкала 1-5 с комментариями). Р2Р-опросник. Групповое обсуждение: «Три	Оценивать собственный уровень владения навыками НТО. Анализировать командную работу и выявлять	Задания финала НТО текущего года (раздаточный материал), опросники, проектор

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	командной работы, выявление ошибок. Для участников отборочных этапов: разбор заданий, анализ пробелов. Инструменты: опросник самооценки (навыки НТО: ПЦР, электрофорез, Python, клонирование, командная работа – шкала 1-5). Р2Р-оценка (взаимная оценка работы в команде: вклад, коммуникация, тайм-менеджмент)	главных урока НТО». Индивидуально: «Что я сделаю по-другому?» (200-300 слов)	точки улучшения. Формулировать направления для развития	
2. Карта компетенций и выбор проектной темы	Составление индивидуальной «карты компетенций»: что освоено, что требует доработки. Обзор конкурсов: «Большие вызовы» (Сириус), «Талант НТО», школьные НПК – направления, сроки, критерии. Мозговой штурм тем: не только CRISPR, но и биотехнология,	Карта компетенций (таблица: навык – уровень – план). Экспресс-обзор: каждый участник находит одну новость из области своих интересов (CRISPR, биотехнология, диагностика) и представляет группе (2 мин). Мозговой штурм тем: 3 темы от каждой пары, голосование.	Составлять карту компетенций с планом развития. Различать форматы проектных конкурсов. Формулировать актуальную проектную тему. Обосновывать выбор темы	Компьютерный класс, проектор, шаблоны, описания конкурсов

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	биоинформатика, молекулярная диагностика (см. приложение «Примеры тем проектов»). Критерии выбора: актуальность, реалистичность анализа имеющимися средствами (UGENE, Python, базы данных), потенциал для конкурса. Формирование проектных пар/троек	Утверждение темы и формулирование рабочего вопроса		
3. Формулирование проблемы и обзор источников	Работа с источниками информации: научно-популярные статьи, обзоры, базы данных (NCBI, Ensembl). Формулирование проблемы: что известно, что не известно, какова цель проекта. Определение объекта исследования: целевой ген / организм / процесс. Для CRISPR-проектов: какой ген, какая мутация, какой тип	Каждая пара представляет 3-5 найденных источника. Заполнение шаблона: «Что известно / Что не известно / Цель проекта». Определение объекта исследования. Написание черновика введения (300-500 слов)	Находить и анализировать источники информации по теме проекта. Формулировать исследовательскую проблему и цель. Определять объект исследования и обосновывать выбор	Компьютерный класс с интернетом (NCBI, Ensembl, научно-популярные ресурсы), шаблон работы

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	редактирования (нокаут через NHEJ или исправление через HDR). Для биотехнологическ их проектов: какой организм/процесс, какой метод анализа. Начало написания раздела «Введение»			
4. Биоинформатич еский анализ объекта: поиск и анализ последовательн ости	Практикум: поиск целевого гена/последовател ьности в базах данных (Ensembl, NCBI). Анализ структуры: экзоны, интроны, CDS, регуляторные элементы. Для CRISPR-проектов: локализация мутации, влияние на белок. Для биотехнологическ их проектов: анализ функциональных доменов, поиск гомологов (BLAST), сравнение последовательнос тей. Экспорт данных в FASTA. Все инструменты – только те, что освоены в программе:	Самостоятельная работа в базах данных: поиск гена/последовател ьности, экспорт в FASTA. Заполнение таблицы: объект – хромосома/органи зм – ключевые характеристики – особенности последовательност и. Промежуточная проверка: показать найденные данные наставнику	Находить целевую последователь ность в базах данных. Анализировать структуру гена или белка. Экспортироват ь данные для дальнейшего анализа	Компьютерн ый класс (Ensembl, NCBI, UGENE, BLAST)

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	Ensembl, NCBI, UGENE, BLAST			
5. Проектировани е эксперимента: дизайн ключевого этапа	Практикум: проектирование центрального эксперимента проекта. Содержание зависит от темы. Для CRISPR- проектов: подбор гРНК в CRISPOR (из программы: занятие 5 модуля ГР), дизайн проверочных праймеров. Для проектов по клонированию: выбор вектора, дизайн праймеров с хвостами, рестрикция- лигирование in silico в UGENE (из программы: занятия 7-8 модуля МБ). Для диагностических проектов: дизайн праймеров для ПЦР-диагностики, предсказание результатов электрофореза. Наставник консультирует каждую пару индивидуально	Самостоятельная работа по проектированию эксперимента (инструменты по выбору: CRISPOR, UGENE, Primer- BLAST). Письменное обоснование выбора метода и параметров (200- 300 слов). Промежуточная проверка: каждая пара представляет план эксперимента наставнику	Проектировать эксперимент, используя освоенные инструменты. Обосновывать выбор метода и параметров. Предсказывать ожидаемые результаты	Компьютерн ый класс (CRISPOR, UGENE, Primer-BLAST – по выбору)
6. Проектировани	Как проверить, что эксперимент	Выбор стратегии проверки для	Выбирать метод	Компьютерн ый класс

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
е проверки результата и система контролей	удался? Для каждого типа проекта – стратегия проверки на основе изученных методов. ПЦР + электрофорез: изменился ли размер фрагмента (из программы: модули МД, МБ). Рестрикционный анализ: появился/исчез ли сайт рестрикции (из программы: модули МД, МБ). Секвенирование по Сэнгеру: подтверждение последовательности (из программы: занятие 6 модуля ГР – принцип, без новых понятий). Система контролей: положительный, отрицательный, внутренний. Дизайн проверочных праймеров с расчетом T_m. Предсказание ожидаемых результатов: «рисует ожидаемый гель». Раздел «Методы» проектной работы	своего проекта с обоснованием. Дизайн проверочных праймеров (Primer-BLAST или расчет вручную). Рисунок ожидаемого результата электрофореза (для успешного и неуспешного исхода). Описание системы контролей. Написание раздела «Методы»	проверки результата эксперимента из изученных. Проектировать систему контролей. Дизайнировать проверочные праймеры. Предсказывать ожидаемые результаты	(Primer-BLAST, UGENE), бумага для рисунка электрофоретических рамок

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
7. Обсуждение ограничений и биоэтика	Каждый эксперимент имеет ограничения. Обсуждение: что может пойти не так? Для CRISPR-проектов: неспецифическое действие (в программе изучено: Cas9 может разрезать похожие участки – занятие 5 модуля ГР, специфичность гРНК в CRISPOR). Для всех проектов: ложноположительные и ложноотрицательные результаты, контаминация, деградация ДНК. Биоэтические аспекты: редактирование человека vs. растений vs. микроорганизмов – разные уровни этических ограничений. Обсуждение в формате дебатов: «За и против применения [технологии проекта] в реальной практике». Раздел	Каждая пара составляет список из 3-5 ограничений своего проекта. Дебаты (структурированные, 2 команды, по 5 мин + 5 мин вопросы): «За и против применения [технология] в реальной практике». Написание раздела «Обсуждение: ограничения» (300-500 слов)	Выявлять ограничения экспериментального подхода. Анализировать потенциальные источники ошибок. Формулировать этическую позицию с опорой на научные аргументы. Вести структурированную дискуссию	Материалы для дебатов (карточки с аргументами)

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	«Обсуждение» проектной работы			
8. Python-анализ и визуализация данных проекта	Практикум: применение Python для анализа данных проекта. Все задачи – на основе освоенных навыков (модуль Python продвинутой). Варианты (зависят от проекта): анализ нуклеотидного состава целевого региона (GC- скользящее окно), визуализация расположения сайтов рестрикции вдоль последовательнос ти, подсчет и визуализация частоты кодонов, сравнение последовательнос тей (расстояние Хэмминга), визуализация результатов BLAST (длина выравнивания, процент идентичности). Создание графиков для проектной работы	Самостоятельное программировани е: скрипт, релевантный проекту. Минимум: чтение данных из файла, обработка, визуализация (хотя бы 1 график). Промежуточная проверка: работающий скрипт. Экспорт графиков для проектной работы. Написание раздела «Результаты»	Применять навыки Python для анализа данных конкретного проекта. Создавать графики для научной работы. Описывать полученные результаты в формате научного текста	Компьютерн ый класс (Python, Jupyter, matplotlib)

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	(matplotlib). Раздел «Результаты»			
9. Оформление работы и подготовка постера	Структура научной работы: титульный лист, аннотация, введение, материалы и методы, результаты, обсуждение, выводы, список литературы. Требования к оформлению для конкурсов. Дизайн научного постера (формат А1): структура, визуальная иерархия, баланс текста и графики. Составление аннотации (150- 200 слов)	Финализация текста: сборка разделов, аннотация, выводы, оформление списка литературы. Создание постера (PowerPoint / Google Slides). Взаимное рецензирование постеров по критериям	Оформлять результаты в формате научной работы. Составлять аннотацию. Создавать научный постер. Рецензировать работы других участников	Компьютерн ый класс, принтер, шаблоны постера, критерии рецензирова ния
10. Защита проектов	Подготовка устного доклада: структура (проблема – цель – методы – результаты – выводы), тайминг (7 мин + 3 мин вопросы). Пробный доклад перед партнером. Публичная защита перед группой и приглашенными экспертами (по возможности). Перспективы: как	Пробный доклад (5 мин) с обратной связью. Публичная защита (7+3 мин). Оценка по критериям. Рефлексия: «Что я узнал за время проекта?»	Представлять результаты в формате устного доклада. Отвечать на вопросы аудитории. Оценивать представление другими участниками	Проектор, таймер, критерии оценки, бланки рефлексии

Тема	Содержание	Формирующие оценочные мероприятия	Результат обучения	Оборудован ие
	доработать проект для конкурса.			
11. Подготовка конкурсных заявок	Адаптация проекта под конкурсные форматы. «Большие вызовы»: выбор направления, структура заявки, мотивационное письмо. «Талант НТО»: цифровое портфолио – достижения, компетенции, рекомендации. Школьные НПК: требования к оформлению. Индивидуальный план участия в конкурсах	Черновик заявки на «Большие вызовы» (по шаблону). Структура портфолио «Талант НТО». План: какие конкурсы, сроки, что доработать	Адаптировать работу под требования конкурса. Составлять заявку по шаблону. Формировать портфолио. Планировать участие в конкурсах	Компьютерн ый класс, шаблоны заявок
12. Траектории развития и планирование следующего сезона	Обзор траекторий: НТО 10-11 классов, Сириус, предметные олимпиады, летние школы. Рекомендации для самоподготовки: ресурсы (книги, курсы). Итоговая карта компетенций (сравнение с началом). Обратная связь. Вручение сертификатов	Итоговая карта компетенций (сравнение «до» и «после»). 3 цели на следующий год. Анкетирование	Оценивать динамику развития. Формулироват ь цели. Определять ресурсы для самоподготовк и	Проектор, карты компетенций, анкеты, сертификаты

Приложение. Примеры тем проектов для наставников

Все проекты выполняются исключительно *in silico* – с использованием открытых баз данных (NCBI, Ensembl) и бесплатного программного обеспечения (UGENE, CRISPOR, Primer-BLAST, Python). Лабораторные эксперименты с биологическими образцами не требуются. Результатом каждого проекта является биоинформатический анализ, предсказание результатов эксперимента и обоснование стратегии – не проведение эксперимента. Темы сгруппированы по четырем направлениям. Наставник может предложить эти темы обучающимся или использовать как образец.

Тема проекта	Биоинформатический анализ (что делают обучающиеся)	Какие модули программы используются
Направление А. Геномное редактирование (CRISPR)		
А1. Нокаут гена муковисцидоза (CFTR)	Поиск гена CFTR в Ensembl, анализ мутации deltaF508, подбор гРНК в CRISPOR для нокаута мутантного аллеля, дизайн проверочных праймеров, предсказание электрофореграммы	Введение в ГР (зан. 3-6), МБ (зан. 3), Python (визуализация)
А2. Редактирование гена устойчивости риса к бактериальному ожогу	Поиск гена OsSWEET14 в NCBI, дизайн гРНК для нокаута сайта связывания TAL-эффектора, клонирование гРНК в растительный вектор <i>in silico</i>	Введение в ГР, МБ (зан. 7-8, клонирование), UGENE
А3. CRISPR-диагностика: детекция мутации серповидноклеточной анемии	Дизайн гРНК, распознающей мутантный аллель HBB (E6V), проектирование ПЦР-диагностики с последующим электрофорезом, предсказание результатов для разных генотипов	Введение в ГР, МД (генотипирование), Биохимия (белки)
Направление Б. Молекулярная диагностика и биоинформатика		
Б1. Проектирование ПЦР-теста для определения непереносимости лактозы (<i>in silico</i>)	Поиск гена LCT и полиморфизма С/Т-13910 в NCBI, <i>in silico</i> дизайн праймеров и выбор рестриктазы для генотипирования, предсказание электрофореграмм для всех генотипов (рисунок), Python-анализ опубликованных частот аллелей в разных популяциях	МД (зан. 2-5), Python (словари, визуализация), Генетика

Б2. Сравнительный анализ генов вирулентности бактерий по данным NCBI (in silico)	Поиск генов в NCBI, BLAST-анализ гомологов, множественное выравнивание, построение матрицы расстояний Хэмминга, визуализация на Python	Python (зан. 7, алгоритмы), UGENE, NCBI/BLAST
Б3. Филогенетический анализ вариантов коронавируса по данным NCBI (in silico)	Получение последовательностей спайк-белка из NCBI, выравнивание, расчет дистанций, построение дерева (UPGMA – ручной расчет или Python)	Python (алгоритмы), NCBI, UGENE
Направление В. Биотехнология и прикладная биология		
В1. Конструирование рекомбинантной плазмиды для экспрессии флуоресцентного белка	Выбор вектора и гена (eGFP, mCherry), дизайн праймеров с хвостами, клонирование in silico в UGENE, рестрикционный анализ для проверки, Python-анализ кодонного состава	МБ (зан. 7-8), Python, UGENE
В2. Сравнительный анализ промоторов для экспрессии в E. coli и клетках млекопитающих	Поиск промоторов (T7, CMV, EF1a) в базах данных, анализ структуры (TATA-бокс, энхансеры), сравнение в UGENE, обоснование выбора для конкретной задачи	МБ (зан. 5, транскрипция), UGENE, Ensembl/NCBI
В3. Проектирование мультиплексной ПЦР-панели для видовой идентификации мяса (in silico)	In silico дизайн видоспецифичных праймеров к генам митохондриальной ДНК (говядина, свинина, курица) в Primer-BLAST, предсказание размеров ампликонов, моделирование электрофореграммы мультиплексной ПЦР, Python-визуализация	МД (зан. 2, 8), Primer-BLAST, Python (визуализация)
Направление Г. Комбинированные проекты		
Г1. Инженерия генной конструкции для терапии фенилкетонурии	Полный цикл: поиск гена PAH, анализ мутаций, выбор вектора, клонирование in silico, дизайн CRISPR для нокаута мутантного аллеля, проектирование проверки	Все модули программы (интеграционный проект)

Сводная информация по блоку

Распределение часов по типам деятельности

Тип деятельности	Занятия	Часы	Процент
Рефлексия и самоанализ	1, 2, 12	6	25%
Биоинформатический анализ (Ensembl, CRISPOR, UGENE, Python, BLAST, Primer-BLAST)	4, 5, 6, 8	8	33%
Научное письмо (введение, методы, результаты, обсуждение, постер, заявки)	3, 7, 9, 11	8	33%
Публичная защита и коммуникация	10	2	9%

Межмодульные связи

Занятие	Связь с модулем программы	Как реализуется
1	«Образовательный интенсив» (этап 2, 2 год)	Рефлексия по итогам интенсива и финала НТО
3-4	«Молекулярная биология» (2 год, зан. 3) и "Введение в ГР"	Работа с Ensembl, структура гена, CRISPR – пререквизиты
5 (CRISPR-проекты)	«Введение в ГР» (2 год, зан. 5)	Дизайн гРНК в CRISPOR – прямое применение
5 (проекты клонирования)	«Молекулярная биология» (2 год, зан. 7-8)	Клонирование in silico в UGENE – прямое применение
5 (диагностические проекты)	«Лабораторный интенсив» (этап 1, 2 год)	Дизайн праймеров, Primer-BLAST – прямое применение
6	«Методы исследования в МБ» (1 год) и «Лабораторный интенсив»	ПЦР, электрофорез, рестрикция – стратегия проверки
8	«Python продвинутый» (2 год)	matplotlib, парсинг FASTA, алгоритмы – прямое применение
9-10	Конференция кружков НТО (1 год)	Развитие: от мини-проекта к научной работе

Подготовка педагога

До начала блока:

- Получить задания финала НТО текущего года (публикуются на сайте НТО).
- Подготовить опросники самооценки и P2P-оценки.
- Подготовить обзор конкурсов с актуальными сроками.
- Подготовить шаблон проектной работы и научного постера.

- Ознакомиться с приложением «Примеры тем проектов» и адаптировать под текущие интересы обучающихся.
- Составить список из 10-15 тем (можно использовать примеры из приложения или предложить собственные).

Для проектного модуля:

- Проверить доступ к Ensembl, CRISPOR, NCBI, BLAST, Primer-BLAST.
- Подготовить FASTA-файлы для наиболее популярных тем (резерв при проблемах с интернетом).
- Подготовить критерии оценки для защиты и рецензирования.
- По возможности пригласить экспертов на защиту (преподаватели, студенты-биологи).

Для модуля научной коммуникации:

- Скачать актуальные шаблоны заявок «Больших вызовов» с сайта Сириуса.
- Подготовить инструкцию по «Талант НТО» (цифровое портфолио).
- Подготовить список ресурсов для самоподготовки летом.
- Подготовить сертификаты / благодарности.

**Инфраструктурный лист программы кружка
«Геномное редактирование», 2-ой год обучения**

Расчёт на 15 обучающихся

Условные обозначения

Сокращения модулей

Сокращение	Модуль	Часы
ВВ	Вводный модуль. Решение задач НТО	8
ХИМ-2	Химия для молекулярной биологии	16
БХ	Биохимия для геномного редактирования	16
МБ-2	Молекулярная биология	16
РУ-2	Программирование на Python (продвинутый)	16
ГР	Введение в геномное редактирование	14
МД	Методы молекулярной диагностики	22
ВИР	Инженерная вирусология и микробиология	16
БТ	Прикладная биотехнология	16
КОНФ	Конференция кружков НТО	4

Условия хранения

Обозначение	Значение
КТ	Комнатная температура
ХОЛ	Холодильник (+4°C)
МОП	Морозильник (-20°C)
ОГН	Вдали от источников огня
СВТ	Защита от света

Частота закупки расходных материалов

Код	Значение
Б.1	Ежегодная закупка
Б.2	Закупка раз в 2–3 года
Б.3	Закупка перед занятиями (скоропортящиеся)

Оборудование, используемое из 1 года обучения

Следующее оборудование было приобретено в 1 год обучения и продолжает использоваться во 2 году.

№	Наименование	Кол-во	Модули 2 года
1	Термоциклер (амплификатор) для ПЦР	1 шт.	МД
2	Камера для горизонтального электрофореза	1 шт.	МД
3	Источник питания для электрофореза	1 шт.	МД
4	Трансillюминатор светодиодный	1 шт.	МД
5	Центрифуга-вортекс настольная	1 шт.	МД, БХ
6	Дозатор механический 2–20 мкл	4 шт.	МД
7	Дозатор механический 20–200 мкл	5 шт.	ХИМ-2, БХ, МД
8	Дозатор механический 100–1000 мкл	5 шт.	ХИМ-2, БХ, МД
9	Штатив для дозаторов	3 шт.	МД
10	Штатив для пробирок 1,5 мл	8 шт.	МД, БХ

№	Наименование	Кол-во	Модули 2 года
11	Холодильник с морозильной камерой	1 шт.	МД
12	Микроволновая печь	1 шт.	МД
13	Термостат твердотельный или водяная баня	1 шт.	МД, БХ
14	рН-метр портативный	4 шт.	ХИМ-2
15	Весы лабораторные	2 шт.	ХИМ-2, БХ
16	Магнитная мешалка с подогревом	2 шт.	ХИМ-2
17	Микроскоп биологический ученический	8 шт.	БТ
18	Компьютер или ноутбук	15 шт.	ВВ, РУ-2, ГР, МД
19	Проектор мультимедийный	1 шт.	Все модули
20	Принтер	1 шт.	ВВ, КОНФ
21	Доска магнитно-маркерная	1 шт.	Все модули
22	Вытяжной шкаф	1 шт.	ХИМ-2, БХ
23	Термостат или йогуртница	1 шт.	БТ
24	Стакан химический 100 мл	16 шт.	ХИМ-2, БХ
25	Стакан химический 250 мл	8 шт.	ХИМ-2, БХ
26	Колба коническая 100 мл	8 шт.	ХИМ-2
27	Колба мерная 100 мл	4 шт.	ХИМ-2
28	Цилиндр мерный 50 мл	8 шт.	ХИМ-2, БХ
29	Цилиндр мерный 100 мл	4 шт.	ХИМ-2
30	Пробирки стеклянные 10–15 мл	50 шт.	БХ
31	Штатив для пробирок	8 шт.	БХ
32	Воронка стеклянная	8 шт.	ХИМ-2
33	Шпатель-ложка	8 шт.	ХИМ-2, БХ
34	Палочки стеклянные	16 шт.	ХИМ-2

Дополнительное оборудование для 2 года обучения

№	Наименование	Кол-во	Характеристики	Модули
1	Штатив, охлаждающий для пробирок 0,2 мл	4 шт.	С возможностью заполнения льдом, на 96 лунок	МД
2	Контейнер для льда лабораторный	2 шт.	Объём 2–4 л, с крышкой	МД
3	Молекулярный конструктор (модели молекул)	2 набора	Не менее 200 атомов разных типов (С, Н, О, N, P, S)	БХ, МБ-2
4	Модель структуры ДНК (двойная спираль)	1 шт.	Разборная, высота не менее 50 см	МБ-2, ГР
5	Целлофановые мешочки (диализные)	20 шт.	Для демонстрации осмоса, диаметр 25–30 мм	ХИМ-2

Модуль «Химия для молекулярной биологии» (ХИМ-2) – 16 часов

Расходные материалы

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
ХИМ2-Р1	Трис (трисгидроксиметиламинаметан)	г	100	Б.1	КТ
ХИМ2-Р2	Натрия гидрофосфат двузамещённый (Na_2HPO_4)	г	100	Б.1	КТ
ХИМ2-Р3	Натрия дигидрофосфат (NaH_2PO_4)	г	100	Б.1	КТ
ХИМ2-Р4	Кислота соляная раствор 10%	мл	100	Б.1	КТ, ОГН

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
ХИМ2-Р5	Натрия гидроксид раствор 10%	мл	200	Б.1	КТ
ХИМ2-Р6	Сахароза	г	200	Б.1	КТ
ХИМ2-Р7	Натрия хлорид	г	200	Б.1	КТ
ХИМ2-Р8	Индикаторная бумага универсальная рН 1–14	упак.	5	Б.1	КТ
ХИМ2-Р9	Буфер калибровочный рН 4,01	мл	100	Б.1	КТ
ХИМ2-Р10	Буфер калибровочный рН 7,00	мл	100	Б.1	КТ
ХИМ2-Р11	Буфер калибровочный рН 10,00	мл	100	Б.1	КТ
ХИМ2-Р12	Раствор KCl 3М для хранения электрода рН-метра	мл	50	Б.2	КТ
ХИМ2-Р13	Перчатки нитриловые размер S	пар	30	Б.1	КТ
ХИМ2-Р14	Перчатки нитриловые размер М	пар	30	Б.1	КТ
ХИМ2-Р15	Вода дистиллированная	л	5	Б.1	КТ

Модуль «Биохимия для геномного редактирования» (БХ) – 16 часов

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
БХ-Р1	Меди сульфат пентагидрат (для биуретовой реакции)	г	30	Б.2	КТ
БХ-Р2	Натрия гидроксид раствор 10%	мл	100	Б.1	КТ
БХ-Р3	Желатин пищевой	г	50	Б.1	КТ
БХ-Р4	Казеин или сухое молоко	г	100	Б.1	КТ
БХ-Р5	Глицин (аминокислота)	г	20	Б.2	КТ
БХ-Р6	Пипетки Пастера пластиковые 3 мл	шт.	50	Б.1	КТ
БХ-Р7	Перчатки нитриловые размер S	пар	20	Б.1	КТ
БХ-Р8	Перчатки нитриловые размер М	пар	20	Б.1	КТ
БХ-Р9	Яйца куриные (источник белка)	шт.	10	Б.3	ХОЛ
БХ-Р10	Молоко пастеризованное	л	1	Б.3	ХОЛ

Модуль «Молекулярная биология» (МБ-2) – 16 часов

Расходные материалы

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
МБ2-Р1	Пробирки микроцентрифужные 1,5 мл	шт.	100	Б.1	КТ
МБ2-Р2	Наконечники для дозаторов 2–200 мкл универсальные	шт.	200	Б.1	КТ
МБ2-Р3	Наконечники для дозаторов 100–1000 мкл универсальные	шт.	100	Б.1	КТ
МБ2-Р4	Перчатки нитриловые размер S	пар	15	Б.1	КТ
МБ2-Р5	Перчатки нитриловые размер М	пар	15	Б.1	КТ
МБ2-Р6	Маркер перманентный тонкий чёрный	шт.	5	Б.1	КТ

Модуль «Программирование на Python» (PY-2) – 16 часов

Программное обеспечение (бесплатное)

№	Наименование	Характеристики	Источник
РУ2-Р01	Python 3.x	С библиотеками BioPython, NumPy, Pandas	https://www.python.org/
РУ2-Р02	Jupyter Notebook или VS Code	Среда разработки	Бесплатно
РУ2-Р03	UGENE	Биоинформатический анализ (обновление)	https://ugene.net/

Модуль «Введение в геномное редактирование» (ГР) – 14 часов
Программное обеспечение (бесплатное, онлайн)

№	Наименование	Характеристики	Источник
ГР-Р01	CRISPOR	Онлайн-инструмент дизайна гРНК	http://crispor.tefor.net/
ГР-Р02	NCBI	База данных генов, BLAST	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/
ГР-Р03	Primer-BLAST	Дизайн праймеров	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/
ГР-Р04	UGENE	ORF, рестрикция, трансляция (офлайн)	https://ugene.net/

Расходные материалы

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
ГР-Р1	Таблица генетического кода (ламинированная)	шт.	8	Б.2	КТ
ГР-Р2	Рабочие листы с задачами НТО (распечатка)	компл.	30	Б.1	КТ
ГР-Р3	Бумага А4 для печати	пачка	1	Б.1	КТ

Модуль «Методы молекулярной диагностики» (МД) – 22 часа
Наборы для ПЦР

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
МД-Н1	Набор для ПЦР «Определение пола человека» (учебный)	компл.	1	Б.1	МОР, ХОЛ
МД-Н2	Набор для ПЦР «Равновесие в популяции» (учебный)	компл.	1	Б.1	МОР, ХОЛ
МД-Н3	Набор для ПЦР «Определение ГМО в продуктах питания» или «Состав злаков в хлебе» (учебный)	компл.	1	Б.1	МОР, ХОЛ

Состав набора для ПЦР (типовой, позиции МД-Н1 – МД-Н3)

Каждый набор должен содержать:

- Реагенты для выделения ДНК (буферы, ферменты или колонки) – на 20 образцов.
- Зонд-тампоны стерильные (для наборов с буккальным эпителием) – не менее 20 шт.
- ПЦР-смесь или отдельные компоненты (полимераза, буфер, dNTP) – на 20 реакций.
- Праймеры специфические – на 20 реакций.

- Положительный контроль ДНК – не менее 20 мкл.
- Отрицательный контроль (вода без ДНК) – не менее 50 мкл.
- Методическое пособие на русском языке.

Реактивы для рестрикционного анализа

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
МД-Р1	Рестриктаза EcoRI с буфером	ед. акт.	500	Б.1	МОР
МД-Р2	Рестриктаза BamHI с буфером	ед. акт.	500	Б.1	МОР

Расходные материалы для электрофореза и ПЦР

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
МД-Р3	Пробирки микроцентрифужные 1,5 мл	шт.	300	Б.1	КТ
МД-Р4	Пробирки для ПЦР тонкостенные 0,2 мл	шт.	300	Б.1	КТ
МД-Р5	Наконечники для дозаторов 2–200 мкл с фильтром	шт.	500	Б.1	КТ
МД-Р6	Наконечники для дозаторов 100–1000 мкл с фильтром	шт.	150	Б.1	КТ
МД-Р7	Наконечники для дозаторов 2–200 мкл универсальные	шт.	300	Б.1	КТ
МД-Р8	Наконечники для дозаторов 100–1000 мкл универсальные	шт.	150	Б.1	КТ
МД-Р9	Зонд-тампон стерильный для буккального эпителия	шт.	50	Б.1	КТ
МД-Р10	Агароза для электрофореза низкоэлектроэндоосмосная	г	150	Б.1	КТ
МД-Р11	Буфер TAE концентрированный 50×	мл	500	Б.1	КТ
МД-Р12	Краситель для визуализации ДНК (GoodView, GelGreen или аналог)	мкл	500	Б.1	ХОЛ, СВТ
МД-Р13	Буфер для нанесения образцов ДНК 6×	мл	5	Б.1	ХОЛ
МД-Р14	ДНК-маркёр молекулярной массы 100 п.н.	мкл	300	Б.1	МОР
МД-Р15	Вода деионизированная стерильная	л	5	Б.1	КТ
МД-Р16	Перчатки нитриловые размер S	пар	60	Б.1	КТ
МД-Р17	Перчатки нитриловые размер M	пар	60	Б.1	КТ
МД-Р18	Парафильм	м	5	Б.1	КТ
МД-Р19	Маркер перманентный тонкий чёрный	шт.	10	Б.1	КТ

Модуль «Инженерная вирусология и микробиология» (ВИР) – 16 часов
Расходные материалы

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
ВИР-Р1	Бумага цветная А4 (набор)	упак.	2	Б.1	КТ
ВИР-Р2	Клей-карандаш	шт.	8	Б.1	КТ
ВИР-Р3	Скотч прозрачный	шт.	2	Б.1	КТ
ВИР-Р4	Ножницы канцелярские	шт.	8	Б.2	КТ

Примечание: Модуль преимущественно теоретический с элементами моделирования. Основная работа – компьютерные симуляции и анализ кейсов.

Модуль «Прикладная биотехнология» (БТ) – 16 часов

Расходные материалы

№	Наименование	Ед. изм.	Кол-во	Частота	Хранение
БТ-Р1	Дрожжи сухие хлебопекарные	г	50	Б.3	КТ
БТ-Р2	Сахар	г	100	Б.3	КТ
БТ-Р3	Пластиковые бутылки 0,5 л	шт.	10	Б.1	КТ
БТ-Р4	Воздушные шарики	шт.	10	Б.1	КТ
БТ-Р5	Образцы биоразлагаемых пластиков	шт.	5	Б.2	КТ
БТ-Р6	Перчатки нитриловые размер S	пар	15	Б.1	КТ
БТ-Р7	Перчатки нитриловые размер M	пар	15	Б.1	КТ

Сводная таблица дополнительного оборудования 2 года

№	Наименование	Кол-во	Модули
1	Штатив охлаждающий для пробирок 0,2 мл	4 шт.	МД
2	Контейнер для льда лабораторный	2 шт.	МД
3	Молекулярный конструктор (модели молекул)	2 набора	БХ, МБ-2
4	Модель структуры ДНК (двойная спираль)	1 шт.	МБ-2, ГР
5	Целлофановые мешочки (диализные)	20 шт.	ХИМ-2

Сводная таблица расходных материалов по частоте закупки

Б.1 – Ежегодная закупка

№	Наименование	Модули	Общее кол-во на год
1	Пробирки микроцентрифужные 1,5 мл	МБ-2, МД	400 шт.
2	Пробирки для ПЦР 0,2 мл	МД	300 шт.
3	Наконечники 2–200 мкл с фильтром	МД	500 шт.
4	Наконечники 2–200 мкл универсальные	МБ-2, МД	500 шт.
5	Наконечники 100–1000 мкл с фильтром	МД	150 шт.
6	Наконечники 100–1000 мкл универсальные	МБ-2, МД	250 шт.
7	Перчатки нитриловые размер S	ХИМ-2, БХ, МБ-2, МД, БТ	140 пар

№	Наименование	Модули	Общее кол-во на год
8	Перчатки нитриловые размер М	ХИМ-2, БХ, МБ-2, МД, БТ	140 пар
9	Зонд-тампон стерильный для буккального эпителия	МД	50 шт.
10	Агароза для электрофореза	МД	150 г
11	Буфер ТАЕ концентрированный 50×	МД	500 мл
12	Краситель для визуализации ДНК	МД	500 мкл
13	Буфер для нанесения образцов ДНК 6×	МД	5 мл
14	ДНК-маркёр молекулярной массы 100 п.н.	МД	300 мкл
15	Вода дистиллированная/деионизированная	ХИМ-2, МД	10 л
16	Трис (трисгидроксиметиламинметан)	ХИМ-2	100 г
17	Натрия гидрофосфат двузамещённый (Na_2HPO_4)	ХИМ-2	100 г
18	Натрия дигидрофосфат (NaH_2PO_4)	ХИМ-2	100 г
19	Кислота соляная раствор 10%	ХИМ-2	100 мл
20	Натрия гидроксид раствор 10%	ХИМ-2, БХ	300 мл
21	Сахароза	ХИМ-2	200 г
22	Натрия хлорид	ХИМ-2	200 г
23	Индикаторная бумага универсальная pH 1-14	ХИМ-2	5 упак.
24	Буфер калибровочный pH 4,01	ХИМ-2	100 мл
25	Буфер калибровочный pH 7,00	ХИМ-2	100 мл
26	Буфер калибровочный pH 10,00	ХИМ-2	100 мл
27	Желатин пищевой	БХ	50 г
28	Казеин или сухое молоко	БХ	100 г
29	Пипетки Пастера пластиковые 3 мл	БХ	50 шт.
30	Парафильм	МД	5 м
31	Маркер перманентный тонкий чёрный	МБ-2, МД	15 шт.
32	Бумага А4 для печати	ГР, ВВ	2 пачки
33	Папки-скоросшиватели	ВВ	15 шт.
34	Блокноты А5	РУ-2	15 шт.
35	Ручки шариковые синие	РУ-2, ВВ	40 шт.
36	Карандаши простые	ВВ	15 шт.
37	Ластики	ВВ	10 шт.
38	Бумага цветная А4 (набор)	ВИР	2 упак.
39	Клей-карандаш	ВИР	8 шт.
40	Скотч прозрачный	ВИР	2 шт.
41	Пластиковые бутылки 0,5 л	БТ	10 шт.
42	Воздушные шарики	БТ	10 шт.
43	Рестриктаза EcoRI с буфером	МД	500 ед. акт.
44	Рестриктаза BamHI с буфером	МД	500 ед. акт.
45	Набор для ПЦР «Определение пола человека»	МД	1 компл.
46	Набор для ПЦР «Равновесие в популяции»	МД	1 компл.
47	Набор для ПЦР «Определение ГМО» или «Состав злаков»	МД	1 компл.

Б.2 – Закупка раз в 2-3 года

№	Наименование	Модули	Кол-во
1	Меди сульфат пентагидрат	БХ	30 г
2	Глицин (аминокислота)	БХ	20 г
3	Раствор KCl 3М для хранения электрода рН-метра	ХИМ-2	50 мл
4	Таблица генетического кода (ламинированная)	ГР	8 шт.
5	Ножницы канцелярские	ВИР	8 шт.
6	Образцы биоразлагаемых пластиков	БТ	5 шт.

Б.3 – Закупка перед занятиями (скоропортящиеся)

№	Наименование	Модули	Кол-во	Срок закупки
1	Яйца куриные	БХ	10 шт.	За 1–2 дня до занятия
2	Молоко пастеризованное	БХ	1 л	В день занятия
3	Дрожжи сухие хлебопекарные	БТ	50 г	За неделю до занятия
4	Сахар	БТ	100 г	За неделю до занятия

Сводная таблица программного обеспечения

№	Наименование	Тип	Модули	Источник
1	Python 3.x с библиотеками BioPython, NumPy, Pandas	Офлайн	РУ-2	https://www.python.org/
2	Jupyter Notebook или VS Code	Офлайн	РУ-2	Бесплатно
3	UGENE	Офлайн	ГР, МД, МБ-2	https://ugene.net/
4	CRISPOR	Онлайн	ГР	http://crispor.tefor.net/
5	NCBI	Онлайн	ГР, МД	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/
6	Primer-BLAST	Онлайн	МД	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/
7	BLAST	Онлайн	ГР, МД	https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/

Примечания

1. **Количество расходных материалов** рассчитано на 15 обучающихся и один учебный год (144 академических часа). При расчёте учтён запас 10–15% на случай повторных экспериментов и брака.

2. **Оборудование из 1 года обучения** не требует повторной закупки и используется на протяжении всего срока реализации программы (не менее 5 лет при надлежащем уходе).

3. **Реактивы с ограниченным сроком годности** (ферменты, рестриктазы, ПЦР-наборы) следует заказывать с учётом сроков проведения соответствующих занятий.

4. **Хранение реактивов:**

- КТ (комнатная температура) – в закрытом шкафу при температуре 15–25°C.
- ХОЛ (холодильник) – при температуре +2...+8°C.
- МОР (морозильник) – при температуре –18°C и ниже.

- ОГН (вдали от огня) – в металлическом шкафу, отдельно от источников нагрева.
 - СВТ (защита от света) – в тёмной таре или в закрытом шкафу.
5. **Перед началом учебного года** необходимо проверить сроки годности всех реактивов и работоспособность оборудования.
 6. **При работе с кислотами, щелочами и другими опасными веществами** обязательно использование защитных очков и перчаток под руководством педагога.
 7. **Все работы с нагревательными приборами и электрооборудованием** проводятся под непосредственным контролем педагога.
 8. **Программное обеспечение** распространяется бесплатно и загружается из сети Интернет. Рекомендуется заранее скачать необходимые файлы из NCBI (последовательности генов) на случай проблем с интернетом.