

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФГАОУ ВО «СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»



УТВЕРЖДАЮ:

И.о. ректора

В.И.Колмаков

« _____ » _____ 2018 г.

ПРОГРАММА
ПОВЫШЕНИЯ КВАЛИФИКАЦИИ
«СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ИММУНОГЕНЕТИКИ»

Красноярск 2018

I. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОГРАММЫ

1.1. Аннотация программы

Программа повышения квалификации ориентирована на формирование знаний о принципах построения и функционирования генов иммунной системы, изучение механизмов генетического контроля силы иммунного ответа, выявление возможных причин несовместимости тканей при внутривидовых пересадках. Слушатели познакомятся с современными методами иммуногенетики в исследовании человека и животных и их применением в теории и на практике, с новейшими исследованиями в данной области. В результате у слушателей сложится целостное представление о принципах построения и функционирования генов иммунной системы человека и животных.

1.2. Цель программы

Формирование у слушателей целостного представления об организации и функционировании генов иммунной системы человека и животных.

1.3. Компетенции (трудовые функции) в соответствии с Профессиональным стандартом

В/03.6 – Разработка программно-методического обеспечения учебно-производственного процесса.

I/01.7 – Преподавание учебных курсов, дисциплин (модулей) по программам бакалавриата, специалитета, магистратуры и (или) ДПП.

1.4. Планируемые результаты обучения. Слушатель в результате освоения программы повышения квалификации будет способен (*продемонстрировать*):

1. Обобщать новейшие достижения в области современной иммуногенетики, основные сферы применения знаний о структуре и функциях генов иммунной системы.
2. Анализировать принципы, положенные в основу методов иммуногенетики.
3. Анализировать проблемы, связанные с гистосовместимостью.
4. Владеть концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата иммуногенетики, методами анализа генов иммунной системы человека и животных.
5. Связывать данные иммуногенетики с достижениями генетики и медицины.

1.5. Категория слушателей: научно-педагогические работники университетов.

1.6. Требования к уровню подготовки поступающего на обучение

Научно-педагогические работники, владеющие базовыми знаниями молекулярной биологии.

1.7. Продолжительность обучения: 18 часов.

1.8. Форма обучения: очная, с частичным отрывом от работы.

1.9. Требования к материально-техническому обеспечению

Компьютерный класс с проектором или интерактивной доской. Ноутбук с доступом к сети Интернет и с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше).

Документ об образовании: удостоверение о краткосрочном повышении квалификации установленного образца.

II. ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ

2.1. Учебно-тематический план

№ п/п	Наименование разделов, дисциплин и тем	Всего часов	В том числе:		Использование средств ЭО и ДОТ	Результаты обучения
			Аудиторные	Дистанционные		
1.	Тема 1. Введение в иммуногенетику Предмет, задачи и методы иммуногенетики. История развития	2	2			Обобщить новейшие достижения в области современной иммуногенетики, основные сферы применения знаний о структуре и функциях генов иммунной системы
2	Тема 2. Основные понятия иммунологии Иммунная система: принципы организации и функционирования. Органы иммунной системы. Антигены. Основные свойства антигенов, иммуногенность и специфичность. Неспецифический иммунный ответ. Механическая защита. Гуморальные механизмы (лизоцим, система комплемента, С-реактивный белок, интерфероны). Клеточные механизмы. Специфический иммунный ответ. Антителообразование. Понятие об HLA-рестрикции иммунного ответа. Динамика образования антител, первичный и вторичный иммунный ответ. Биологическая роль различных классов иммуноглобулинов в противоинфекционной защите организма. Развитие способности организма к иммунному ответу	4	4			Владеть концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата иммуногенетики, методами анализа генов иммунной системы человека и животных
3	Тема 3. Геномная организация Т-клеточных рецепторов (TCR) Геномная организация антигенраспознающего рецептора. Иммунологически значимые	2	2			Владеть концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата иммуногенетики, методами анализа генов

№ п/п	Наименование разделов, дисциплин и тем	Всего часов	В том числе:		Использование средств ЭО и ДОТ	Результаты обучения
			Аудиторные	Дистанцион- ные		
	молекулы, необходимые для эффективного распознавания антигена. Локализация генов Т-клеточного рецептора. Организация генов альфа, бета, гамма и сигма цепей антигенраспознающего рецептора Т-лимфоцитов. Механизмы генерации разнообразия антигенраспознающих центров TCR					иммунной системы человека и животных
4	Тема 4. Геномная организация иммуноглобулинов Строение молекулы иммуноглобулина. Классы иммуноглобулинов. Локализация генов иммуноглобулинов. Группы сцепления генов иммуноглобулинов (Ig). Организация генов легких цепей каппа- и лямбда типов. Группа сцепления генов тяжелых цепей. Рекомбинация генов, кодирующих цепи Ig. Переключение изотипа Ig вследствие сплайсинга мРНК	2	2			Анализировать принципы, положенные в основу методов изучения генов иммуноглобулинов
5	Тема 5. Генетика гистосовместимости Система МНС. Строение, функции, гены МНС. Главный комплекс гистосовместимости. Иммунобиологические свойства комплекса МНС. Геномная организация МНС. Антигены гистосовместимости и иммунопатология. Трансплантация	2	2			Анализировать проблемы, связанные с гистосовместимостью
6	Тема 6. Генетический контроль иммунного ответа Характер наследования силы ответа. Ig-гены (гены иммунного ответа): локализация, фенотипический продукт и экспрессия	2	2			Владеть концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата иммуногенетики, методами анализа генов иммунной системы человека и животных
7	Тема 7. Практическое значение иммуногенетики Использование в ветеринарии, медицине	2	2			Связывать данные иммуногенетики с достижениями генетики и медицины
	Итоговый контроль (зачет)	2		2		
	ИТОГО	18	16	2		

2.2. План учебной деятельности

Результаты обучения	Учебные действия/формы текущего контроля	Используемые ресурсы/инструменты/технологии
Обобщать новейшие достижения в области современной иммуногенетики, основные сферы применения знаний о структуре и функциях генов иммунной системы	Лекционные занятия. Участие в обсуждении современных достижений в области иммуногенетике ее практического применения в медицине, ветеринарии	Ноутбук с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox. Презентации в PowerPoint
Владеть концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата иммуногенетики, методами анализа генов иммунной системы человека и животных	Лекционные занятия. Участие в обсуждении основных принципов организации и функционирования иммунной системы человека, проблем контроля иммунного ответа организмов, методов изучения геномной организации Т-клеточных рецепторов	Ноутбук с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox. Презентации в PowerPoint
Анализировать принципы, положенные в основу методов иммуногенетики	Лекционные и семинарские занятия. Участие в обсуждении основных методов изучения, геномной организации иммуноглобулинов	Ноутбук с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox. Презентации в PowerPoint
Анализировать проблемы, связанные с гистосовместимостью	Лекционное занятие. Участие в обсуждении современных методов изучения строения и функций генов МНС	Ноутбук с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox. Презентации в PowerPoint
Связывать данные иммуногенетики с достижениями генетики и медицины	Участие в обсуждении практического значения иммуногенетики и ее применения в медицине. Знакомство с методами изучения генов иммунной системы	Ноутбук с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox. Презентации в PowerPoint
Обобщать новейшие достижения в области современной иммуногенетики, основные сферы применения знаний о структуре и функциях генов иммунной системы. Анализировать принципы, положенные в основу методов иммуногенетики. Анализировать проблемы, связанные с гистосовместимостью. Владеть концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата иммуногенетики, методами анализа генов иммунной системы человека и животных. Связывать данные иммуногенетики с достижениями генетики и медицины	Творческая дискуссия по проблемам изучения генов иммунной системы человека и животных. Обсуждение современных методов, используемых в иммуногенетике, методов преподавания данной дисциплины в вузах	Ноутбук с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox

2.3. Виды и содержание самостоятельной работы

Самостоятельное изучение теоретического материала предполагает работу с учебной литературой, научными монографиями, оригинальными научными статьями, диссертациями, базами данных. Итогом работы является творческая дискуссия по проблемам изучения генов иммунной системы человека и животных.

III. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ

3.1. Учебно-методическое обеспечение, в т.ч. электронные ресурсы в корпоративной сети СФУ и сети интернет

1. Ковальчук Л. Иммунология. Практикум / Л. Ковальчук, Г. Игнатъева и др. – М.: ГЭОТАР-МЕД, 2013. – 224 с.
2. Романюха, А. Математические модели в иммунологии и эпидемиологии инфекционных заболеваний. / А. Романюха. – М.: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2015. – 296 с.
3. Хаитов, Р.М. Иммунология / Р.М. Хаитов. – 2 изд., перераб. и доп. – М.: ГЭОТАР-Медиа, 2012. – 176 с.
4. Баранов, В.С. Геном человека и гены «предрасположенности» / В.С. Баранов, Е.В. Баранова, Т.Э. Иващенко и др. – СПб.: Интермедика, 2000. – 271 с.
5. Бурместер, Г.-Р. Наглядная иммунология / Г.-Р. Бурместер, А. Пецутто. – М.: Бином, 2007. – 321 с.
6. Вершигора, А.Е. Общая иммунология: учеб. пособие / А.Е. Вершигора. – Киев: Выща школа, 1990. – 736 с.
7. Галактионов, В.Г. Очерки эволюционной иммунологии / В.Г. Галактионов. – М.: Наука, 1995. – 255 с.
8. Галактионов, В.Г. Иммунология: учебник / В.Г. Галактионов.– М.: Академия, 2004. – 528 с.
9. Галактионов, В.Г. Иммунологический словарь: учеб. пособие для студ. вузов биолог. специальностей / В.Г. Галактионов. – М.: Academia, 2005. – 154 с.
10. Глик, Б. Молекулярная биология. Принципы и применение: пер. с англ. / Б. Глик, Дж. Пастернак; под ред. Н.К. Янковского. – М.: Мир. 2002. – 589 с.
11. Зарецкая, Ю.М. Иммунология и иммуногенетика человека / Ю.М. Зарецкая. – М.: Триада форум, 2002. – 138 с.
12. Инге-Вечтомов, С.Г. Генетика с основами селекции / С.Г. Инге-Вечтомов. – СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. – 720 с.
13. Коничев, А.С. Молекулярная биология / А.С. Коничев, Г.А. Севастьянова. – М.: Академия, 2003. – С. 73–203.
14. Литвин, С. Иммуногенетика человека: Основные принципы и клиническое значение / С. Литвин, Р. Спаркс, Г. Уинн. – М.: Мир, 1994. – Т.1. – 496 с.
15. Литвин, С. Иммуногенетика человека: Основные принципы и клиническое значение / С. Литвин, Р. Спаркс, Г. Уинн. – М.: Мир, 1994. – Т. 2. – 368 с.
16. Макк Конки, Э. Геном человека / Э. Макк Конки. – М.: Техносфера, 2008. – С. 12–15.
17. Никольский, В.И. Генетика / В.И. Никольский. – М.: Академия, 2010. – 256 с.
18. Нолтинг, Б. Новейшие методы исследования биосистем / Б. Нолтинг – М.: Техносфера, 2005. – С. 52–75; 184–195.
19. Патрушев, Л.И. Экспрессия генов: монография / Л.И. Патрушев. – М.: Наука, 2000.
20. Попова, Н.А. Иммунология в картинках / Н.А. Попова. – Новосибирск, 1996.– 79 с.
21. Ройт, А. Иммунология / А. Ройт, Дж. Бростофф, Д. Мейл. – М.: Мир, 2000. – 582 с.
22. Рыбчин, В.Н. Основы генетической инженерии / В.Н. Рыбчин. – СПб.: Изд-во СПбГТУ, 2002.
23. Сингер М. Гены и геномы / М. Сингер, П. Берг. – М.: Мир, 1999. – Т.2. – С. 227–314.
24. Brown, T.A. Genomes / T.A. Brown. – NY: John Wiley & Sons. – 1999.

25. Drewes, G. Global approaches to protein-protein interactions/ G. Drewes, T. Bouwmeester // Curr. Opin. Cell Biol, 2003. – Vol. 2. – Pp. 1–7.
26. Pandey, A. Proteomics to study genes and genomes / A. Pandey, M. Mann // Nature. – 2000. – Vol. 405. – Pp. 837–846.
27. Ridley, M. Genome / M. Ridley. – New York: HarperCollins Publishers. – 2000.

Основные электронные ресурсы в корпоративной сети СФУ и сети интернет

Ниже приведено краткое описание основных БД *NCBI*, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.

БД *Nucleotide* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide>) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе *GenBank*, *RefSeq* и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.

БД *Protein* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из *GenBank*, *RefSeq* и *TPA*, а также *SwissProt*, *PIR*, *PRF* и *PDB*.

БД *Structure* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml>) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.

БД *Gene* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. *Gene-ID*.

БД *dbMHC* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init>) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные *MajorHistocompatibilityComplex* (МНС) для человека. БД *dbMHC* полностью интегрирована с другими ресурсами *NCBI*, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (ИHWG).

DbSNP (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/>) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным путем.

БД *ReferenceSequence (RefSeq)* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/>), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.

БД *Genomic Biology* представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для *Fruitfly*, *Human*, *Malaria parasite*, *Mouse*, *Rat*, *Retroviruses*, *Zebrafish* и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.

В БД *UniGene* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/>) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.

HomoloGene (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene>) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.

Basic Local Alignment Search Tool (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/>) – основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.

Public repository Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) – публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов».

GenBank (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html>) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. *GenBank* автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.

Для представления последовательностей в *GenBank* предложено два инструмента:

- *BankIt* – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
- *Sequin* – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.

Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в *NCBI* является поисковая система *Search NCBI databases* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Она обеспечивает *одновременный доступ* как к нуклеотидным и белковым последовательностям (*GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot* и *PDB, GenPept, RPF*), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (*PubMed, PubMed Central* и т.д.). Доступ к поисковой системе *Search NCBI databases* может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посредством использования стартовой страницы *NCBI* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД *NCBI* и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.

Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в *NCBI* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html>) и т.д., является сервис «*My NCBI*» (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/MyNCBI/>). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты по электронной почте. Пользователи «*My NCBI*» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в *NCBI*, и управлять политикой общественного доступа.

Multiple sequence alignment (BioEdit) – выравнивание множественных нуклеотидных или аминокислотных последовательностей [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>.

Дополнительные электронные ресурсы в корпоративной сети СФУ и сети интернет

1. American Physical Society [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://publish.aps.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/american-physical-society>.
2. Annual Reviews Science Collection [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.annualreviews.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/annual-reviews-science-collection>.
3. arXiv [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://arxiv.org>.
4. Cambridge University Press [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.journals.cambridge.org> (<http://bik.sfu-kras.ru/nb/cambridge-university-press>).
5. DOAJ [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.doaj.org>.
6. DRF (JAIR) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://drf.lib.hokudai.ac.jp>.
7. EBSCO Publishing [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://search.ebscohost.com>.
8. Elsevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://sciencedirect.com>.
9. Elsevier [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.sciencedirect.com>.
10. EMS Journal. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.memsjournal.com>.

11. Euromonitor International [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.portal.euromonitor.com>.
12. Institute of Physics [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.iop.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/institute-physics-iop>.
13. Journal Citation Reports (JCR) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://isiknowledge.com>.
14. MEMS Journal [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.memsjournal.com>.
15. Nature [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.nature.com>.
16. Oxford Journals [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.oxfordjournals.org>.
17. Oxford Russia Fund eContent library [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://lib.myilibrary.com><http://bik.sfu-kras.ru/nb/oxford-russia-fund-econtent-library>.
18. ProQuest [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://search.proquest.com>.
19. Royal Society of Chemistry (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.rsc.org>.
20. Science и Science Translational Medicine [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.sciencemag.org> (<http://bik.sfu-kras.ru/nb/science-i-science-translational-medicine>).
21. Science/AAAS [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.sciencemag.org> (<http://bik.sfu-kras.ru/nb/scienceaaaas>).
22. Scirus [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.scirus.com> [Информационно-поисковые системы].
23. Scopus [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.scopus.com><http://bik.sfu-kras.ru/nb/scopus>.
24. Sevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://sciencedirect.com>.
25. Springer [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.springerlink.com>.
26. Taylor&Francis [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.tandfonline.com>.
27. Web of Science [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://isiknowledge.com>.
28. Wiley (Blackwell) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.blackwell-synergy.com>.
29. Центр Исследования Генома (Genomics Resource Centre) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.rockefeller.edu/genomics>.

3.2. Информационное обеспечение (информационные обучающие системы, системы вебинаров, сетевые ресурсы хостинга видео, изображений, файлов, презентаций, программное обеспечение и др.).

Компьютерный класс, наличие проектора для демонстрации наглядных пособий и экрана. Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint.

IV. ОЦЕНКА КАЧЕСТВА ОСВОЕНИЯ ПРОГРАММЫ

4.1. Формы аттестации, оценочные материалы, методические материалы

Обучение по программе повышения квалификации предполагает прослушивание курса лекций ведущего специалиста в области иммуногенетики, научного сотрудника Школы биомедицины ФГАОУ ВО «Дальневосточный федеральный университет» Благодатского А.С. В ходе курса слушатели должны овладеть навыками работы с генетическими базами данных. Итоговой аттестационной работой является участие

в дискуссии по основным проблемам изучения генов иммунной системы живых организмов.

4.2. Требования и содержание итоговой аттестации

Итоговая аттестация подразумевает проведение творческой дискуссии по основным проблемам изучения генов иммунной системы. Основанием для аттестации является активное участие в обсуждении следующих проблем современной иммуногенетики:

- Современные методы изучения структуры и функций генов иммунной системы человека и животных.
- Проблемы работы с генетическими базами данных.
- Вопросы, связанные с разработкой и структурой курса «Имуногенетика» для бакалавров и магистров ИФБиБТ.

Программу составили:

Благодатский А.С., научный сотрудник Школы биомедицины
ФГАОУ ВО «Дальневосточный федеральный университет»,
кандидат биологических наук



Ямских И.Е., зав. базовой кафедрой защиты и современных
технологий мониторинга лесов ИФБиБТ,
доктор биологических наук



Руководитель программы:

Благодатский А.С., научный сотрудник Школы биомедицины
ФГАОУ ВО «Дальневосточный федеральный университет»,
кандидат биологических наук

