Map of teaching methods of discipline

***«Methods of Molecular biotechnology***

(3 credit)

“8D05105**Biotechnology”**

(Преподаватель –профессор Кенжебаева С.С.

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| № | The title of discipline | Authors and title of the textbook | Number in the library of KazNU named after al-Farabi | | | | Number after 2000 year | | | |
| main | | addition | | main | | addition | |
| каз. | рус. | каз. | рус. | каз. | рус. | каз. | рус. |
|  | Molecular biotechnology of prokaryotes and eukaryotes | **Основная:** Molecular Cell Biology, 4th edition Harvey Lodish, Arnold Berk, S Lawrence Zipursky, Paul Matsudaira, David Baltimore, and James Darnell.New York: [W. H. Freeman](http://www.whfreeman.com/); 2000.  ISBN-10: 0-7167-3136-3   1. Глик Б., Пастернак Дж. Молекулярная биотехнология. М.: Мир, 2002. - 589 с. 2. Калашникова Е.А., Кочиева Е.З., Миронова О.Ю. Практикум по сельскохозяйственно» биотехнологии. - М. :Колосс, 2006. - 144 с. 3. Щелкунов С. Н. Генетическая инженерия. — 2. — Новосибирск: Сибирское университетское издательство, 2004. — 496 с. 4. De Jong, R. Enzyme Free Cloning for high throughput gene cloning and expression / R. de Jong, M. Daniёls, R. Kaptein and G. Folkers // J. Struct. Funct. Genomics. — 2006. — V. 7. — P. 109–118. 5. Lee, J. High-throughput T7 LIC vector for introducing C-terminal poly-histidine tags with variable lengths without extra sequences / J. Lee and S. Kim // Prot. Expr. Purif. — 2009. — V. 63. — P. 58–61. 6. Нолтинг Б. Новейшие методы исследования биосистем. - М.:ТЕХНОСФЕРА, 2005. -256 с. 7. Епринцев А.Т., Попов В.Н., Федорин Д.Н. Идентификация и исследование экспрессии генов. Издат. –полиграф. Центр Воронежского госуд. университета. 2008. 64 с. 8. Патрушев Л.И.Экспрессия генов. – М.: Наука, 2000, 749 с. 9. Ребриков Д.В., Саматов Г.А., Трофимов Д.Ю. и др. ПЦР в реальном времени. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. 215 с. 10. Е.К. Хлесткина Молекулярные методы анализа стрктурно-функциональной организации генов и гномов высших растений . Вавиловский журнал генетики и селекции, 2011, Том 15, № 4, с.757-768. 11. Хлесткина Е.К., Салина Е.А. SNP-маркеры: методы анализа, способы разработки и сравнительная характеристика на примере мягкой пшеницы //Генетика. 2006. T. 42. C. 725–736. 12. Свешникова А.Н., Иванов П.С. Экспрессия генов и микрочипы: проблемы количественного анализа. Рос. Хим. журнал ( Ж. Рос. Хим. бщества им. Д.И. Менделеева). 2007, т.11, № 1, с.127-135 13. . - № 1.   **Дополнительная:**   1. Blencowe B.J., AhmadS., Lee L.J. Current-generation high-throughput sequencing: deepeninginsights into mammalian transcriptomes //Genes Dev. 2009. V. 23. P. 1379–1386. 2. Kalendar R., Schulman A.H. IRAP and REMAP for retrotransposon-based genotyp yp ing and fingerprinting // Nat. Protoc. 2006. V. 1. P. 2478–2484. 3. Rothberg J.M., Leamon J.H. The development and impact of 454 sequencing // Nature Biotech. 2008. V. 26. P. 1117–1124. 4. Shitsukawa N., Tahira C., Kassai K. *et al.* Genetic andepigenetic alteration amongthree homoeologous genes ofa class E MADS box gene in hexaploidwheat //Plant Cell. 2007. V. 19. P. 1723–1737. 5. Mortazavi, BA Williams, K McCue, L Schaeffer, and B Wold (2008). «Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq». *Nature Methods* (5): 621-628. 6. Pachter (2011). «MODELS FOR TRANSCRIPT QUANTIFICATION FROM RNA-SEQ». 7. Trapnell C, Pachter L, Salzberg SL (2009). «TopHat: discovering splice junctions with RNA-Seq». *Bioinformatics* (9): 1105-1111. 8. C Trapnell, BA Williams, G Pertea, A Mortazavi, G Kwan, MJ van Baren, SL Salzberg, BJ Wold, and L Pachter (2010). «Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation». *Nature Biotechnology* (5): 511-515.. 9. Roberts A, Trapnell C, Donaghey J, Rinn JL, Pachter L (2011). «Improving RNA-Seq expression estimates by correcting for fragment bias.». *Genome Biology* **12** (3): 280-287. |  | 1  1  5  3  1  3  2  1  5  2  1  1  1  1  1  1  1  1 |  |  | 50  1  5 | 3  1  3  2  1  5  2  1  1  1  1  1  1  1  1 |  |  |