**Методические рекомендации по семинарским занятиям для курса "Молекулярная микробиология"**

**Осенний семестр 2023-2024 учебного года**

**«6В05107» – Микробиология**

**ММ 6304 «Молекулярная микробиология»**

**1. Цели и задачи семинарских занятий**

**Цели:**

* Углубить понимание материала, изученного на лекциях.
* Развить навыки критического анализа научной информации.
* Сформировать способности к самостоятельному исследованию и обсуждению научных вопросов.

**Задачи:**

* Обсудить и проанализировать ключевые темы и концепции курса.
* Выполнить практические задания и исследовательские проекты.
* Развить навыки работы в группе и презентации результатов.

**2. Подготовка к семинарскому занятию**

**Для студентов:**

* Ознакомьтесь с тематикой семинара, прочитайте рекомендованную литературу и статьи.
* Подготовьте краткие заметки и вопросы по теме для обсуждения.
* Выполните задания и проекты, если таковые предусмотрены.

**Для преподавателя:**

* Подготовьте план семинарского занятия с указанием ключевых тем и вопросов для обсуждения.
* Составьте список рекомендуемой литературы и ресурсов.
* Разработайте задания и кейсы для групповой работы или индивидуального анализа.

**3. Структура семинарского занятия**

**1. Введение (10-15 минут):**

* Представьте цель и задачи занятия.
* Обозначьте ключевые вопросы и темы для обсуждения.
* Подведите краткий итог предыдущих занятий, если это необходимо.

**2. Основная часть (30-40 минут):**

* Организуйте обсуждение ключевых тем. Включите вопросы, которые помогут раскрыть основные концепции и стимулировать критическое мышление.
* Проведите групповые или парные обсуждения, анализируйте кейсы и задачи.
* Поощряйте студентов делиться своими мыслями и идеями.

**3. Практическая работа (20-30 минут):**

* Дайте студентам задания на решение практических задач, анализ данных или разработку проектов.
* Организуйте работу в группах или индивидуально. Предложите примеры и инструкции по выполнению задания.

**4. Заключение (10-15 минут):**

* Подведите итоги занятия, обсудите основные выводы и результаты.
* Ответьте на вопросы студентов и дайте рекомендации по дальнейшему изучению темы.
* Обсудите подготовку к следующему семинару или заданиям.

**4. Оценивание и обратная связь**

**Оценивание работы студентов:**

* Оцените активность студентов в обсуждениях, качество выполнения практических заданий и проектов.
* Используйте критерии оценки, такие как понимание материала, способность к критическому анализу и аргументированное представление своих позиций.

**Обратная связь:**

* Предоставьте студентам конструктивную обратную связь по их работе и участию.
* Обсудите сильные стороны и области для улучшения. Предложите рекомендации по дальнейшему изучению и подготовке.

**5. Дополнительные рекомендации**

**Для студентов:**

* Регулярно посещайте семинарские занятия и активно участвуйте в обсуждениях.
* Поддерживайте профессиональный и уважительный тон в общении с другими участниками и преподавателем.
* **Литература:** основная, дополнительная.
* **Основная литература:**
* Madigan M.T., Bender K.S., Buckley D.H., Sattley W.M., Stahl D.A. Brock Biology of Microorganisms, 15th ed. – Pearson, 2021.
* Snyder L., Champness W. Molecular Genetics of Bacteria, 4th ed. – ASM Press, 2013.
* Larry Snyder, Wendy Champness. Bacterial Genetics and Molecular Biology, 4th ed. – ASM Press, 2014.
* Alberts B., Johnson A., Lewis J. Molecular Biology of the Cell, 6th ed. – Garland Science, 2014.
* Madigan M., Martinko J., Parker J. Biology of Microorganisms, 14th ed. – Pearson, 2015.
* **Дополнительная литература:**
* Neidhardt F.C., Escherichia coli and Salmonella: Cellular and Molecular Biology, 2nd ed. – ASM Press, 1996.
* White D., Drummond J.T., Fuqua C. The Physiology and Biochemistry of Prokaryotes, 5th ed. – Oxford University Press, 2012.
* Fuchs T.M., Microbial Pathogenesis: Molecular and Cellular Mechanisms, 2nd ed. – Caister Academic Press, 2020.
* Wilson B.A., Salyers A.A., Whitt D.D., Winkler M.E. Bacterial Pathogenesis: A Molecular Approach, 3rd ed. – ASM Press, 2011.
* Goller C.C., Witney A.A. Methods in Microbial Molecular Biology, 1st ed. – Humana Press, 2019.**Исследовательская инфраструктура**
* Исследовательская инфраструктура для дисциплины «Молекулярная микробиология» включает в себя современное лабораторное оборудование и программное обеспечение, необходимое для проведения экспериментов и анализа данных на молекулярном уровне.
* **Профессиональные научные базы данных**
* NCBI (National Center for Biotechnology Information) – база данных биомедицинских и геномных данных, включая GenBank (секвенции ДНК), PubMed (научные статьи), BLAST (поиск по последовательностям).
* EMBL-EBI (European Molecular Biology Laboratory – European Bioinformatics Institute) – предоставляет доступ к обширным биоинформационным ресурсам, включая Ensembl (геномные данные), UniProt (база данных белков) и InterPro (информация о белковых семьях и доменах).
* PDB (Protein Data Bank) – база данных структур белков и нуклеиновых кислот, полученных методом рентгеновской кристаллографии, ЯМР и крио-электронной микроскопии.
* KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) – платформа для понимания высокоуровневых функций и применения биологических систем, таких как клетки и экосистемы, на основе молекулярных данных, включая гены и белки.
* DDBJ (DNA Data Bank of Japan) – международный центр данных по генетическим последовательностям, часть Международной инициативы по архивированию последовательностей вместе с NCBI и EMBL-EBI.
* SILVA – база данных рибосомных РНК, используемая для анализа и классификации микроорганизмов на основе их последовательностей рРНК.
* GOLD (Genomes OnLine Database) – база данных по геномным и метагеномным проектам, включающая информацию о секвенированных геномах различных микроорганизмов.
* BioCyc – коллекция баз данных путей метаболизма и геномов, используемая для исследования молекулярной биологии микроорганизмов.
* TCDB (Transporter Classification Database) – специализированная база данных для изучения транспортных белков, их функций и эволюционных взаимосвязей.
* Scopus и Web of Science – крупнейшие библиографические и реферативные базы данных, предоставляющие доступ к рецензируемым научным статьям и цитируемым источникам по молекулярной микробиологии и смежным дисциплинам.
* **Интернет-ресурсы**
* <http://elibrary.kaznu.kz/ru>
* MOOC/видеолекции и т.д.
* NCBI (National Center for Biotechnology Information) – https://www.ncbi.nlm.nih.gov
* Предоставляет доступ к разнообразным биологическим и биомедицинским базам данных, включая GenBank, PubMed и BLAST, что полезно для изучения молекулярной биологии микроорганизмов.
* EMBL-EBI (European Bioinformatics Institute) – https://www.ebi.ac.uk
* Ресурс с доступом к данным о геномах, белках, метаболических путях и инструментам для анализа биологических данных, таких как Ensembl и UniProt.
* PDB (Protein Data Bank) – https://www.rcsb.org
* База данных трехмерных структур белков и нуклеиновых кислот, полученных методами кристаллографии, ЯМР и крио-ЭМ.
* MicrobeWiki (Kenyon College) – https://microbewiki.kenyon.edu
* Образовательная вики-страница, содержащая статьи по различным аспектам микробиологии, включая патогенные микроорганизмы и метаболические пути.
* KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) – https://www.kegg.jp
* Предоставляет данные о геномах, биологических путях и взаимодействиях между микроорганизмами, что важно для изучения молекулярных механизмов в микробиологии.
* **Программное обеспечение**
* BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) – инструмент для поиска сходства последовательностей ДНК, РНК и белков, доступный через веб-интерфейс NCBI или в локальной версии.
* MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) – программа для анализа последовательностей, построения филогенетических деревьев и оценки эволюционных процессов.
* Geneious – интегрированная платформа для анализа геномных данных, включая секвенирование, клонирование и аннотацию геномов.
* Clustal Omega – программа для множественного выравнивания последовательностей ДНК или белков, используемая для анализа эволюционных связей.
* PyMOL – программа для визуализации молекулярных структур, включая белки и нуклеиновые кислоты, что позволяет анализировать их трехмерные модели.
* SnapGene – программное обеспечение для визуализации и планирования молекулярных экспериментов, таких как клонирование и ПЦР.
* R или Python (с библиотеками Biopython или Bioinformatics в R) – используются для статистического анализа и обработки биоинформатических данных.

**Лектор Ултанбекова Г.Д.**