

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«РОССИЙСКИЙ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ (РОСБИОТЕХ)»

**ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН
ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ**

Сертификат:
00D05D015A41D43C257354CF2FDDD93F88
Владелец: РОСБИОТЕХ
Действителен: с 11.11.2024 по 04.02.2026

Рабочая программа дисциплины (модуля)
Б1.В.12 Геномика и протеомика

Уровень высшего образования: **специалитет**
Специальность: **06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика**
Специализация: **Молекулярная и клеточная инженерия**
Квалификация: **биоинженер и биоинформатик**
Форма обучения: **очная**
Срок обучения: **5 лет**
Год набора: **2024**
Закреплена за кафедрой: **Биоэкологии и биологической безопасности**

Форма обучения: **очная**
Общая: **3 з.е.**
Часов по учебному плану: **108**
в том числе:
аудиторные занятия: **48**
самостоятельная работа: **59**
контактная работа в электронной среде: **0**
часов на контроль: **1**

Виды контроля:
Зачет - 8 семестр

Программу составил(и):
канд. биол. наук доцент Слынько Елена Евгеньевна

Протокол кафедры: *№ 6 от 04.03.2025*

1. ЦЕЛИ И ЗАДАЧИ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

1.1. Цели:

сформировать у студентов знание теоретических основ геномики и протеомики, ознакомить с современными экспериментальными и расчетными методами установления структуры и функций нуклеиновых кислот и белков, выяснения механизмов белок-белковых и белок-ДНКовых взаимодействий. Информировать студентов о важнейших достижениях и проблемах данных наук, а также их практическом значении для развития других отраслей биологии, биотехнологии и биомедицины.

1.2. Задачи:

1. Изучение структуры и функции геномов: Анализ состоит из последовательности, структуры, организации и функции геномов различных организмов, а также понимание их эволюционных изменений.
2. Анализ экспрессии генов: Исследование уровней экспрессии генов в различных состояниях и условиях с помощью методов, таких как микрочипы и секвенирование РНК, что позволяет понять регуляцию генов и их роль в физиологии организмов.
3. Протеомный анализ: Исследование белков, их структуры, функций и взаимодействий, с использованием технологий, таких как масс-спектрометрия и двухмерная гель-электрофорез, что помогает выявить изменения в протеоме в ответ на различные стимулы и условия.
4. Сравнительная геномика: Сравнение геномов различных видов для выявления conserved (сохранившихся) генов и функций, а также для понимания механизмов эволюции и адаптации.
5. Методы и технологии: Освоение современных методов секвенирования, биоинформатического анализа и визуализации данных, что позволяет эффективно обрабатывать и интерпретировать большие объемы данных, получаемых в результате геномных и протеомных исследований.

2. СТРУКТУРА И СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ

2.1. Трудоемкость дисциплины и виды учебной работы

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 з.е.

2.2. Распределение часов дисциплины по семестрам

Семестр (<Курс>.<Семестр на курсе>)	8(4.2)		Итого	
Вид занятий	УП	РП	УП	РП
Лекции	16	16	16	16
Лабораторные	32	32	32	32
Итого ауд.	48	48	48	48
Контактная работа	48	48	48	48
в том числе КРВЭС				
Сам. работа	59	59	59	59
Часы на контроль	1	1	1	1

3. ПЛАНИРУЕМЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ, СООТНЕСЕННЫЕ С РЕЗУЛЬТАТАМИ ОСВОЕНИЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

Компетенции	Индикаторы достижения компетенций	Знать:	Уметь:	Владеть (иметь практический опыт):
ПК-1 Способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, также	ПК-1.6 Участвует во внедрении результатов исследований и разработок ПК-1.7 Готовит данные и составляет отчеты исследований и разработок	- основы биоинформатики; - последние достижения и новые разработки в области биоинформатики; - механизмы	Получать и грамотно использовать информацию, накопленную в базах данных по структуре геномов, белков, и другой	Современными методами программирования, навыками работы с биоинформационными ресурсами.

оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий		сохранения информации живыми системами и реализации программ, заложенных геномами.	биологической информации	
---	--	--	--------------------------	--

4. СТРУКТУРА, СОДЕРЖАНИЕ И ФОРМЫ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Раздел 1. Геномика – наука о геномах

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практической подготовки	
1.1	Источники данных	Секвенаторы второго поколения: характерные длины прочитанных участков (reads), парноконцевые чтения, характерные длины фрагментов. Пиросеквенирование. Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.). Базы данных нуклеотидных последовательностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene. "Выравнивание" нуклеотидных последовательностей.	8	Лек	2		опрос
1.2	Протеомные данные	Масс-спектрометрия. Связь с геномами. "Трансляция" нуклеотидной последовательности в аминокислотную. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов". Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы. Базы данных аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database.	8	Лек	2		опрос
1.3	Белок-белковые взаимодействия	Дрожжевые двугибридные системы. Методы фагового дисплея, двугибридных систем и другие аффинные методы, применяемые для изучения белок-белковых взаимодействий. Белковые чипы. Предсказание потенциальных	8	Лек	2		опрос

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
		сайтов пост-трансляционных модификаций белков и белок-белковых взаимодействий.					
1.4	Белок-ДНКовые взаимодействия	Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq. ChIP-Chip как объединяющая иммунопреципитацию хроматина (chromatin immunoprecipitation - ChIP) с технологией ДНК-чипов (microarray technology, DNA-chips). Применение техники для исследования ДНК-белковых взаимодействий in vivo. ChIP-Seq как техника, объединяющая иммунопреципитацию хроматина (ChIP) с масштабным параллельным секвенированием ДНК. Применение для идентификации сайтов связывания белков.	8	Лек	2		опрос
1.5	Сборка геномов	Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скаффолды по библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.	8	Лек	4		опрос
1.6	Сравнительная геномика	Функциональная аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по ко-регуляции. Характеризация геномов по молекулярной массе, количеству генов и нуклеотидной последовательности. Выявление сходства и различия в организации геномов. Получение сведений об уникальных и гомологичных генах, о степени гомологии.	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы
1.7	Инструменты сравнительной геномики	Основные инструменты: а) COGs и KOGs; Homologene и другие базы данных гомологов, б) String, с) SEED. Филогенетическая классификация белков (Clusters of Orthologous Groups of	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
		proteins, COGs) как результат сравнения белковых последовательностей по полным геномам представителей важнейших филогенетических групп организмов. Программа HomoloGene как инструмент базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI) для автоматической детекции гомологов. Алгоритм SEED.					
1.8	Эволюция геномов.	Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дубликации, в) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция. Пути эволюции геномов, происхождение генетического полиморфизма и биоразнообразия, роль горизонтального переноса генов. Эволюционный подход к изучению формирования комплексов генов, отдельных хромосом, стабильности частей генома, процесса расообразования у человека, эволюцией наследственной патологии.	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы
1.9	SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом индивида. Спейсеры генов рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа: прямая зависимость между степенью полиморфизма и филогенетическим расстоянием между организмами. Использование SNP в молекулярной диагностике болезней человека.	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы
1.10	Метагеномика	Секвенирование 16S РНК и других маркеров. Тотальное генетический материал, секвенирование и функциональные интерпретации. Метагеном – получаемый напрямую из образцов среды: с учетом некультивируемых микроорганизмов, наряду с	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
		культивируемыми. Метагеномика как «геномика окружающей среды» или «эко геномика».					
1.11	Геномика	Секвенаторы второго поколения: характерные длины прочитанных участков (reads), парноконцевые чтения, характерные длины фрагментов. Пиросеквенирование. Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.). Базы данных нуклеотидных последовательностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene. “Выравнивание” нуклеотидных последовательностей.	8	Ср	20		самоконтроль

Раздел 2. Протеомика – наука о белках

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
2.1	Негеномные (постгеномные) данные	Вэб-ориентированный автоматизирован- ный мета-анализ данных о сотнях транскриптов (или белков) в ходе одного эксперимента. Прогнозирование и аннотирование взаимодействующих белков на основе масштабного анализа результатов масс- спектрометрических экспериментов, анализа геномных данных и автоматического анализа опубликованных данных.	8	Лек	2		опрос
2.2	Транскриптомика	Картирование секвенированных фрагментов на геном. Фильтрация. Оценка уровней экспрессии генов и уровней включения экзонов. Основные методы транскриптомики: ДНК- микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени), РНК-интерференция, методы SAGE, ESI,	8	Лек	2		опрос

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес кой подготовк и	
		дифференциального дисплея, RNAPol-CHiP. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.					
2.3	Протеомика	Аннотация протеомов по масс-спектрометрическим данным. Геном – чертеж, протеом – работающие молекулярные машины. Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и tandemная масс-спектрометрия). Применение масс-спектрометрии для анализа пост-трансляционных модификаций белков и для характеристики белковых комплексов. Трансляция “in silico”. Протеолиз “in silico”. Построение карт взаимодействия между белками в клетке.	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы
2.4	Пост-трансляционные модификации белков	Ограниченный протеолиз, белковый сплайсинг, образование дисульфидных связей. Присоединение или отщепление небольших химических групп: гликозилирование, ацетилирование, метилирование, карбоксилирование, фосфорилирование. Присоединение других белков и пептидов: убиквитинилирование, сумоилирование.	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы
2.5	Системная биология	Сети и модели. Графовый подход. Свойства (природных) графов: а) диаметр, б) распределение степеней вершин, с) коэффициент кластеризации. Особенности элементы: а) hubs, центральные вершины, б) графовые мотивы (graphlets). Исследование и моделирование свойств сложных биологических систем, которые нельзя объяснить суммой свойств ее составляющих. Применение теории динамических систем к биологическим системам.	8	Лаб	4		отчет по выполнению лабораторной работы
2.6	Программа человека”	“Протеом человека” – продолжение	8	Ср	19		самоконтроль

№ п/п	Тема занятия	Краткое содержание	Семестр	Вид занятия *	Количество часов		Форма текущего контроля
					всего	в то числе в форме практичес- кой подготовк и	
		программы “Геном человека”. Human Proteome Organization (HUPO). Официальный старт программы в 2010 г., у России – 18 хромосома. Протеом и пептидом. Цели программы: выявление специфических для конкретных заболеваний изменений в протеоме, установление диагностически значимой диспропорции белков в пораженном органе, обнаружение целевых протеинов (мишеней) и создание новых высокоэффективных медикаментозных и диагностических средств.					
2.7	Протеомика	Аннотация протеомов по масс-спектрометрическим данным. Геном – чертеж, протеом – работающие молекулярные машины. Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и тандемная масс-спектрометрия). Применение масс-спектрометрии для анализа пост-трансляционных модификаций белков и для характеристики белковых комплексов. Трансляция “in silico”. Протеолиз “in silico”. Построение карт взаимодействия между белками в клетке.	8	Ср	20		самоконтроль

* Лек - лекционные занятия; Пр - практические занятия; Лаб - лабораторные занятия; СР - самостоятельная работа; КРВЭС - контактная работа в электронной среде; Эк - экзамен; За - зачет; ЗаО - зачет с оценкой

5. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

5.1. Рекомендуемая литература

	Авторы,	Заглавие	Издательство, год	Адрес
5.1.1.	Громова Н. В., Ревин В. В., Ревина Э. С., Пиняев С. И.	Протеомика с основами белковой инженерии: учеб.-метод. пособие	Саранск: МГУ им. Н.П. Огарева, 2021	https://e.lanbook.com/book/311660
5.1.2.	Мутовин Г.Р.	Клиническая генетика. Геномика и протеомика наследственной патологии: учебное пособие	Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2010	https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970411520.html
5.1.3.	Хайтов Р.М., Алексеев Л.П.,	Иммуногеномика и генодиагностика человека:	Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2017	https://www.rosmedlib.ru/book/ISBN9

	Авторы,	Заглавие	Издательство, год	Адрес
	Трофимов Д.Ю.	практическое руководство		785970441398.htm 1
5.1.4.	Васильев Д. А., Феоктистова Н. А., Мاستиленко А. В., Сульдина Е. В.	Геномика и биология кандидатных бактериофагов для терапии энтеробактериальных инфекций в сельскохозяйственной ветеринарии: монография	Ульяновск: УлГАУ имени П. А. Столыпина, 2019	https://e.lanbook.com/book/133800

5.2. Перечень информационных технологий

5.2.1. Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства

Операционная система Linux

Свободный пакет офисных приложений OpenOffice

Microsoft Visual Studio Tools for Applications

Microsoft Visual Studio Code

5.2.2. Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем

Электронная информационно-образовательная среда РОСБИОТЕХ. Режим доступа: <https://i.cloud.mgupp.ru/>

Система e-learning РОСБИОТЕХ. Режим доступа: <http://e-learning.mgupp.ru/>

Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU. Режим доступа: <https://elibrary.ru/>

Электронная библиотечная система "Лань". Режим доступа: <https://e.lanbook.ru/>

Электронная библиотечная система "Znanium". Режим доступа: <https://znanium.ru/>

Национальная электронная библиотека. Режим доступа: <https://rusneb.ru/>

Справочно-информационная система "Консультант Плюс"

База данных по научным журналам

«Вся биология» - современная биология, статьи, новости, библиотека

Электронный учебник «Биология»

ЭБС "Консультант студента"

ЭБС "Консультант врача"

5.3. Методические рекомендации к изучению дисциплины

Методические указания для обучающихся при работе над конспектом лекций во время проведения лекции

Лекция – систематическое, последовательное, монологическое изложение преподавателем учебного материала, как правило, теоретического характера. В процессе лекций рекомендуется вести конспект, что позволит впоследствии вспомнить изученный учебный материал, дополнить содержание при самостоятельной работе с литературой, подготовиться к промежуточной аттестации. Следует также обращать внимание на категории, формулировки, раскрывающие содержание тех или иных явлений и процессов, научные выводы и практические рекомендации, положительный опыт в ораторском искусстве. Желательно оставить в рабочих конспектах поля, на которых делать пометки из рекомендованной литературы, дополняющие материал прослушанной лекции, а также подчеркивающие особую важность тех или иных теоретических положений. Любая лекция должна иметь логическое завершение, роль которого выполняет заключение. Выводы по лекции подытоживают размышления преподавателя по учебным вопросам. Формулируются они кратко и лаконично, их целесообразно записывать. В конце лекции, обучающиеся имеют возможность задать вопросы преподавателю по теме лекции.

Методические указания для обучающихся по выполнению практических и лабораторных работ

Практические и лабораторные работы выполняются в соответствии с учебным планом при последовательном изучении разделов (тем) учебной дисциплины.

Прежде чем приступать к выполнению практической работы, обучающемуся необходимо:

- ознакомиться с соответствующими разделами (темами) учебной дисциплины по рекомендованной учебной литературе;
- ознакомиться с порядком проведения занятия, критериях оценки результатов работы;
- ознакомиться с заданием и сроках выполнения, о требованиях к оформлению и форме представления результатов;
- настроить под руководством преподавателя инструментальные средства, необходимые для проведения практической работы (при их наличии).

В ходе выполнения практической (лабораторной) работы необходимо следовать инструкциям, использовать материал лекций, рекомендованной литературы, источников интернета, активно использовать помощь преподавателя на занятии.

Методические указания для обучающихся по организации самостоятельной работы

Самостоятельная работа обучающихся направлена на самостоятельное изучение отдельных тем/вопросов учебной дисциплины. Самостоятельная работа является обязательной для каждого обучающегося, ее объем по дисциплине определяется учебным планом.

Самостоятельная работа с учебниками, учебными пособиями, научной, справочной и популярной литературой, материалами периодических изданий и Интернета, статистическими данными является наиболее эффективным методом самостоятельного получения знаний, позволяет значительно активизировать процесс овладения информацией, способствует более глубокому усвоению изучаемого материала, формирует у обучающихся свое отношение к конкретной проблеме. Изучая материал по учебной книге (учебнику, учебному пособию, монографии, и др.), следует переходить к следующему вопросу только после полного уяснения предыдущего, фиксируя выводы и вычисления (конспектируя), в том числе те, которые в учебнике опущены или на лекции даны для самостоятельного вывода. Особое внимание обучающийся должен обратить на определение основных понятий учебной дисциплины. Надо подробно разбирать примеры, которые поясняют определения. Рекомендуются составлять опорные конспекты. Выводы, полученные в результате изучения учебной литературы, рекомендуются в конспекте выделять. При самостоятельном решении задач нужно обосновывать каждый этап решения, исходя из теоретических положений учебной дисциплины. Вопросы, которые вызывают у обучающегося затруднение при подготовке, должны быть заранее сформулированы и озвучены во время занятий в аудитории для дополнительного разъяснения преподавателем. Самостоятельная работа является обязательной для каждого обучающегося, ее объем по учебной дисциплине определяется учебным планом.

6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ (оборудование и технические средства обучения)

Учебные аудитории для проведения учебных занятий, предусмотренных образовательной программой. Основное оборудование: комплект учебной мебели для обучающихся (стол, стул); рабочее место преподавателя (стол, стул); компьютер с выходом в интернет и обеспечением доступа в ЭИОС Университета; технические средства обучения: мультимедийное оборудование (проектор, экран), наглядные материалы – схемы плакаты.

Помещение для самостоятельной работы обучающихся - оснащено компьютерной техникой с возможностью подключения к информационно-телекоммуникационной сети "Интернет" и обеспечением доступа в ЭИОС Университета.

Учебная аудитория для проведения промежуточной аттестации Основное оборудование: рабочее место преподавателя (стол, стул, компьютер с выходом в интернет и доступом в ЭИОС Университета); комплект учебной мебели для обучающихся и компьютеры с выходом в Интернет и обеспечением доступа в ЭИОС Университета; технические средства обучения: мультимедийное оборудование (проектор, экран).

Специализированная лаборатория. Основное оборудование: комплект учебной мебели для обучающихся; рабочее место преподавателя, лабораторное оборудование, инвентарь, расходные материалы и средства. Технические средства обучения: мультимедийное оборудование, наглядные материалы – схемы плакаты.
