

Белорусский государственный университет



« 30 » ноября 2016 г.

Регистрационный № УД - 3244 /уч.

Прикладная геномика

**Учебная программа учреждения высшего образования
по учебной дисциплине для специальности:**

1-31 01 01 Биология (по направлениям)

направления специальности

1-31 01 01-01 Биология (научно-производственная деятельность)

2016 г.

Учебная программа составлена на основе ОСВО 1-31 01 01-2013 и учебных планов УВО № G31-132/уч. 2013 г. и УВО № G31з-159/уч. 2013 г.

СОСТАВИТЕЛЬ:

Лагоненко Александр Леонидович, доцент кафедры молекулярной биологии Белорусского государственного университета, кандидат биологических наук, доцент

РЕКОМЕНДОВАНА К УТВЕРЖДЕНИЮ:

Кафедрой молекулярной биологии Белорусского государственного университета (протокол № 6 от 20 октября 2016 г.);

Научно-методическим советом Белорусского государственного университета (протокол № 1 от 01 ноября 2016 г.)

ПОЯСНИТЕЛЬНАЯ ЗАПИСКА

Учебная программа по учебной дисциплине «Прикладная геномика» разработана в соответствии с требованиями образовательного стандарта высшего образования первой ступени по специальности 1-31 01 01 «Биология (по направлениям)». В рамках специальности 1-31 01 01 «Биология (по направлениям)» учебная дисциплина предназначена для студентов направления специальности 1-31 01 01-01 «Биология (научно-производственная деятельность)» и относится к вузовскому компоненту цикла специальных дисциплин учебных планов.

Комплексное изучение структуры и функции генома привело к формированию самостоятельной научной дисциплины, названной «геномикой». Предмет этой науки - строение геномов человека и других живых существ (растений, животных, микроорганизмов и др.), задача - применить полученные знания для улучшения качества жизни человека. В рамках этой новой научной дисциплины проводятся исследования по функциональной геномике, сравнительной геномике, а также по генетическому разнообразию человека. Курс «Прикладная геномика» представляет собой межпредметную дисциплину, которая дает основы информационного знания специалисту-биологу при работе с базами данных биологической направленности при решении различного рода задач, как теоретической, так и сугубо практической направленности (как в медицинской практике, филогенетике, так и в области биотехнологии (генная инженерия, генотерапия, клонирование и т.д.), возникающие в связи с новейшими достижениями в области молекулярной генетики, биомедицинской науки и практики.

Цель учебной дисциплины – изучение современных проблем системной биологии и функциональной геномики, а также методов биоинформатики, активно используемых для решения этих проблем. В рамках курса будут рассмотрены структура и функционирование генома прокариотических и эукариотических клеток, механизмы регуляции транскрипции и методы их моделирования, технологии глобального мониторинга экспрессии клеточного генома и существующие подходы к количественному анализу и интерпретации его результатов, сопряженные модели геномных и метаболических процессов, современные базы данных и программный инструментарий, используемые в вычислительной геномике и смежных областях. В основу курса положены результаты исследований в области биоинформатики, структурной, функциональной и вычислительной геномики, системной биологии, которых были опубликованы в последние годы в ведущих международных научных журналах. В курсе дается обзор современного состояния биоинформатики и геномики – двух бурно развивающихся областей современной молекулярной биологии.

Задача учебной дисциплины – обеспечить профессиональную подготовку в освоении принципов, аналитических методов и навыков интерпретации результатов, необходимых для анализа многочисленных данных, доступных в настоящее время для микроорганизмов, растений, животных и человека. Эти

данные генерируются современными высокопроизводительными технологиями секвенирования, транскриптомного и протеомного анализа и аккумулируются в биоинформационных базах данных. Учебная дисциплина рассчитана на интеграцию навыков в биологических науках с основами статистики, биоинформатики и использованием аналитических компьютерных пакетов.

В результате изучения дисциплины обучаемый должен:

знать:

- химические основы наследственной информации, включая химическое строение и свойства нуклеиновых кислот, основные пути и механизмы реализации генетической информации;
- основные методы исследования, используемые для всестороннего изучения структуры и функции генетических детерминант, определяющих фенотипические признаки живых организмов;
- клеточные, хромосомные, генные и молекулярные механизмы наследственности; механизмы изменчивости генетического материала;
- новейшие достижения в области биохимии, физики, молекулярной генетики, селекции, биотехнологии и перспективы их использования для генетического анализа.

уметь:

- использовать знания геномики для объяснения важнейших физиологических процессов, протекающих в живых организмах, как в норме, так и при возникновении патологии;
- использовать комплексный подход, основанный на достижениях генетики, эволюции и биоинформатики, в изучении генетических детерминант и контролируемых ими признаков;
- использовать достижения геномики в решении задач селекции, медицины, экологии и биотехнологии, а также применять полученные знания в дальнейшей практической деятельности.

владеть:

- компьютерными программами анализа нуклеотидных и белковых последовательностей.

Программа учебной дисциплины «Прикладная геномика» составлена с учетом междисциплинарных связей и программ по смежным учебным дисциплинам («Генетика» и др.).

В соответствии с учебным планом очной формы получения образования изучение учебной дисциплины осуществляется в 8 семестре. Программа учебной дисциплины рассчитана на 50 часов, в том числе 30 часов аудиторных: 20 – лекционных, 8 – лабораторных занятий, 2 – аудиторного контроля управляемой самостоятельной работы.

В соответствии с учебным планом заочной формы получения образования изучение учебной дисциплины осуществляется в 8 семестре. Программа учебной дисциплины рассчитана на 50 часов, в том числе 10 часов аудиторных: 8 – лекционных, 2 – лабораторных занятий.

Форма текущей аттестации по учебной дисциплине – зачет.

СОДЕРЖАНИЕ УЧЕБНОГО МАТЕРИАЛА

I. ВВЕДЕНИЕ

История развития геномных исследований. Геномная революция 1990-х. Методы изучения геномов. Современные подходы к секвенированию ДНК, их достоинства и недостатки. Стратегии определения полных нуклеотидных последовательностей геномов - "клон за клоном" и "шотган всего генома". Конструирование репрезентативных геномных библиотек. Современные подходы к картированию геномов. Вычислительные и экспериментальные подходы к идентификации генов в геномных последовательностях и определению их функций. Функциональная геномика и протеомика. Применение ДНК-микрочипов в геномных исследованиях. Молекулярные базы данных GeneBank, EMBL Data Library, SwissProt, PIR, Protein Data Bank и др.

II. ЭВОЛЮЦИЯ ГЕНОМОВ

2.1. Механизмы геномных перестроек, увеличения и уменьшения размеров геномов. Семейства гомологичных генов. Ортологи и паралоги. Псевдогены. Повторяющиеся последовательности в геномах про- и эукариот. Мобильные генетические элементы. Общая характеристика и роль в геномной изменчивости. Молекулярные механизмы транспозиции.

2.2 Молекулярная эволюция. Эволюция молекул и организмов. Ортологи и паралоги. Горизонтальный перенос генов. Филогенетическое дерево и методы его построения (UPGMA, neighbour-joining, minimal evolution, топологические инварианты и др.). Эволюция на уровне генома (синтения, хромосомные перестройки).

III. ГЕНОМЫ ПРО- И ЭУКАРИОТ

3.1. Геномы прокариот. Пластичность прокариотических геномов. Сравнение организации геномов энтеробактерий (*Escherichia coli*, *Salmonella enterica*, *Yersinia pestis*). Эволюция высоковирулентных штаммов патогенов. Разнообразие геномов прокариот. Характерные особенности геномов, обеспечивающие адаптацию к специфическим экологическим нишам (на примере *Deinococcus*, *Neisseria*, *Aquifex*, *Thermotoga*). Редуктивная эволюция геномов патогенов (*Mycobacterium*, *Rickettsia*, *Mycoplasma*). Особенности геномов облигатных паразитов и эндосимбионтов. Организация геномов архей.

3.2. Геномы эукариот. Геномы простейших одноклеточных эукариот (*Saccharomyces cerevisiae* и *Schizosaccharomyces pombe*): сходство и отличия от геномов прокариот. Геномы беспозвоночных (*Caenorhabditis elegans*,

Drosophyla melanogaster, *Anopheles gambiae* и *Ciona intestinalis*): особенности геномов многоклеточных организмов. Сравнение организации геномов позвоночных (*Fugu rubripes*, *Mus musculus*, *Homo sapiens* и *Pan troglodites*). Организация генома растений (*Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa*, *Populus trichocarpa*). Причины наиболее существенных отличий геномов растений от геномов животных (компактности генов и их большого числа).

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКАЯ КАРТА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ
(очная форма получения образования)

Номер раздела, темы	Название раздела, темы	Количество аудиторных часов					Количество часов УСР	Форма контроля знаний
		Лекции	Практические занятия	Семинарские занятия	Лабораторные занятия	Иное		
I	Введение. История развития геномных исследований. Геномная революция 1990-х. Методы изучения геномов. Молекулярные базы данных	4 2 2			4		2	устный опрос письменный опрос
II	Эволюция геномов. Механизмы геномных перестроек, увеличения и уменьшения размеров геномов. Мобильные генетические элементы Молекулярная эволюция	8 2 2 4			2			письменный опрос
III	Геномы про- и эукариот. Сравнение организации геномов энтеробактерий. Организация геномов архей. Геномы одноклеточных эукариот и простейших. Геномы позвоночных животных. Геномы растений.	8 2 2 2 2			2			письменный опрос

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКАЯ КАРТА УЧЕБНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ
(заочная форма получения образования)

Номер раздела, темы	Название раздела, темы	Количество аудиторных часов					Количество часов УСР	Форма контроля знаний
		Лекции	Практические занятия	Семинарские занятия	Лабораторные занятия	Иное		
I	Введение. История развития геномных исследований. Геномная революция 1990-х. Методы изучения геномов. Молекулярные базы данных	4 2 2			2			устный опрос
II	Эволюция геномов. Механизмы геномных перестроек, увеличения и уменьшения размеров геномов. Мобильные генетические элементы Молекулярная эволюция	2						
III 3.1 3.2	Геномы про- и эукариот. Сравнение организации геномов энтеробактерий. Организация геномов архей. Геномы одноклеточных эукариот и простейших. Геномы позвоночных животных. Геномы растений.	2						

ИНФОРМАЦИОННО-МЕТОДИЧЕСКАЯ ЧАСТЬ

ЛИТЕРАТУРА

Основная:

1. Попов В.В. Геномика с молекулярно-генетическими основами. / В.В. Попов.- М.: Книжный дом “ЛИБРОКОМ”. 2009
2. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск; пер. с англ. – М.: БИНОМ. Лабораторные знания. 2009
3. Льюин Б. Гены / Б. Льюин. М.: БИНОМ, 2011.
4. Альбертс Б. Молекулярная биология клетки / Б. Альбертс, А. Джонсон, Дж. Льюис, М. Рэфф, К. Робертс, П. Уолтер. Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2013

Дополнительная:

1. Глик Б., Пастернак Дж. Молекулярная биология. Принципы и применение: Пер. с англ. / под ред. Н.К. Янковского. – М.: Мир. 2002. 2002
2. Боринская С.А., Янковский Н.К. Структура прокариотических геномов./ С.А. Боринская, Н.К. Янковский// Молекулярная биология. Т. 33. №6. 1999
3. Гельфанд М.С. Компьютерный анализ последовательности ДНК. / М.С. Гельфанд // Молекулярная биология. Т. 32. 1998
4. Свердлов Е.Д. Микрокосм генома. / Е.Д. Свердлов // Молекулярная биология. Т. 33. №6. 1999

ПЕРЕЧЕНЬ КОНТРОЛЬНЫХ МЕРОПРИЯТИЙ УПРАВЛЯЕМОЙ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ СТУДЕНТОВ

Промежуточный зачет по разделу «Методы изучения геномов»

ПЕРЕЧЕНЬ ИСПОЛЬЗУЕМЫХ СРЕДСТВ ДИАГНОСТИКИ РЕЗУЛЬТАТОВ УЧЕБНОЙ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ СТУДЕНТОВ

В качестве формы текущей аттестации студентов по учебной дисциплине рекомендован зачет. Для текущего контроля качества усвоения знаний студентами можно рекомендуется использовать следующий диагностический инструментарий:

- защита подготовленного студентом реферата;
- проведение коллоквиума;
- устные опросы;
- письменные контрольные работы по отдельным темам курса;
- компьютерное тестирование.

ПЕРЕЧЕНЬ ЛАБОРАТОРНЫХ ЗАНЯТИЙ

(очная форма получения образования)

(2 часа каждое)

1. Работа с базами данных. Анализ нуклеотидных последовательностей и их аннотации.
2. Аннотация бактериальных геномов.
3. Идентичность и гомологичность. Построение филогенетических деревьев.
4. Анализ I–й и II–й структуры белков. Предсказание строения и функций белковой последовательности.

ПЕРЕЧЕНЬ ЛАБОРАТОРНЫХ ЗАНЯТИЙ

(заочная форма получения образования)

1. Работа с базами данных. Анализ нуклеотидных последовательностей и их аннотации (2 часа)

МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ ПО ОРГАНИЗАЦИИ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ СТУДЕНТОВ

Для организации самостоятельной работы студентов по учебной дисциплине следует использовать современные информационные технологии: разместить в сетевом доступе комплекс учебных и учебно-методических материалов (учебно-программные материалы, учебное издание для теоретического изучения дисциплины, методические указания к лабораторным занятиям, материалы для текущего контроля и текущей аттестации, позволяющие определить соответствие учебной деятельности обучающихся требованиям образовательных стандартов высшего образования и учебно-программной документации, в т.ч. вопросы для подготовки к зачету, задания, тесты, вопросы для самоконтроля, тематика рефератов и др., список рекомендуемой литературы, информационных ресурсов и др.). Эффективность самостоятельной работы студентов проверяется в ходе текущего контроля знаний и текущей аттестации студентов по учебной дисциплине.

ПРОТОКОЛ СОГЛАСОВАНИЯ УЧЕБНОЙ ПРОГРАММЫ

Название учебной дисциплины, с которой требуется согласование	Название кафедры	Предложения об изменениях в содержании учебной программы учреждения высшего образования по учебной дисциплине	Решение, принятое кафедрой, разработавшей учебную программу (с указанием даты и номера протокола) ¹
Генетика	Генетики	Отсутствуют Зав. кафедрой Н.П. Максимова	Утвердить согласование протокол № 6 от 20 октября 2016 г.
