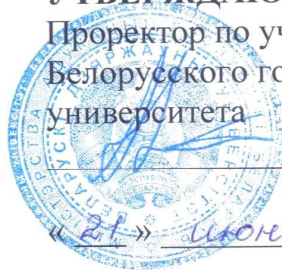


Белорусский государственный университет

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе
Белорусского государственного
университета



А.Л. Толстик

«21» июня 2011 г.

Регистрационный № УД -4288/уч.

Прикладная геномика

Учебная программа для специальности:

1-31 01 01 Биология

направление 1-31 01 01-01 Научно-производственная деятельность

СОСТАВИТЕЛИ:

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

РЕЦЕНЗЕНТЫ:

Наталья Валерьевна Кухарчик, зав. отделом биотехнологии Республиканского унитарного предприятия «Институт плодородия», доктор сельскохозяйственных наук, доцент;

Владислав Евгеньевич Мямин, доцент кафедры микробиологии Белорусского государственного университета, кандидат биологических наук, доцент.

РЕКОМЕНДОВАНА К УТВЕРЖДЕНИЮ В КАЧЕСТВЕ УЧЕБНОЙ:

Кафедрой молекулярной биологии Белорусского государственного университета
(протокол № 13 от 20 мая 2011 г.);

Учебно-методической комиссией биологического факультета Белорусского государственного университета
(протокол № 11 от 26 мая 2011 г.)

Научно-методическим советом Белорусского государственного университета
(протокол № 4 от 31 мая 2011 г.).

Ответственный за редакцию: Александр Леонидович Лагоненко

Ответственный за выпуск: Александр Леонидович Лагоненко

ПОЯСНИТЕЛЬНАЯ ЗАПИСКА

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 курса – 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.

Задачи курса: 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, транскриптного и протеомного анализа и аккумулируются в биоинформационных базах данных. Курс рассчитан 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.

При чтении лекционного курса необходимо применять наглядные материалы в виде таблиц и схем, а также использовать технические средства обучения для демонстрации слайдов и презентаций.

Теоретические положения лекционного курса развиваются и закрепляются на лабораторных занятиях с привлечением технических средств обучения (компьютерные классы с доступом в сеть интернет), при выполнении которых студенты приобретают практические навыки работы с базами данных, необходимых для анализа различных генетических детерминант и их продуктов у различных представителей, принадлежащих как к одной, так и к разным таксономическим группам.

Для организации самостоятельной работы студентов по курсу следует использовать современные информационные технологии: разместить в сетевом доступе комплекс учебных и учебно-методических материалов (программа, список рекомендуемой литературы и информационных ресурсов, задания в тестовой форме для самоконтроля и др.).

Эффективность самостоятельной работы студентов целесообразно проверять в ходе лекционных занятий путем привлечения проблемно-ситуативных приемов изложения материала.

Программа курса рассчитана на 76 часов, из них 36 аудиторных: 22 лекционных, 12 лабораторные занятия и 2 часа – контролируемая самостоятельная работа.

ПРИМЕРНЫЙ ТЕМАТИЧЕСКИЙ ПЛАН

| № п/п | Наименование разделов, тем | Количество часов | | | | |
|--------------|--|------------------|--------------------|--------------|----------|---------------|
| | | Аудиторные | | | | Самост работа |
| | | Лекции | Практич., семинар. | Лаб. занятия | КСР | |
| I | Введение | 4 | | 4 | | 10 |
| II | Эволюция геномов | | | | | |
| 2.1 | <i>Механизмы геномных перестроек, увеличения и уменьшения размеров геномов</i> | 4 | | 2 | | 10 |
| 2.2 | <i>Молекулярная эволюция</i> | 4 | | 2 | | |
| III | Геномы прокариот и эукариот | | | | | |
| 3.1 | <i>Геномы прокариот</i> | 4 | | 2 | | 10 |
| 3.2 | <i>Геномы эукариот</i> | 6 | | 2 | 2 | 10 |
| Итого | | 22 | | 12 | 2 | 40 |

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. Горизонтальный перенос генов и 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*, *Drosophila 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)

ЛИТЕРАТУРА

Основная:

1. Попов В.В. Геномика с молекулярно-генетическими основами. / В.В. Попов.- М.: Книжный дом "ЛИБРОКОМ", 2009. – 304 с.
2. Леск А. Введение в биоинформатику. / А. Леск; пер. с англ. – М.: БИНОМ. Лабораторные знания, 2009. – 318 с.

Дополнительная:

1. *Глик Б., Пастернак Дж.* Молекулярная биология. Принципы и применение: Пер. с англ. / под ред. Н.К. Янковского. – М.: Мир. 2002. – 589 с.
2. *Боринская С.А., Янковский Н.К.* Структура прокариотических геномов./ С.А. Боринская, Н.К. Янковский// Молекулярная биология.- 1999. Т. 33. №6.
3. *Гельфанд М.С.* Компьютерный анализ последовательности ДНК. / М.С. Гельфанд // Молекулярная биология.- 1998. Т. 32. С.-103-120.
4. *Свердлов Е.Д.* Микрокосм генома./ Е.Д. Свердлов // Молекулярная биология.- 1999. Т. 33. №6.

Интернет-ресурсы:

1. Проект по геному человека:
www.ornl.gov/hgmis/project/info.html
2. Филогения и биологическая вариативность:
www.phylogeny.arizona.edu/tree
3. Список банков данных: www.ebi.ac.uk/biocat/
4. Список инструментов для анализа:
www.ebi.ac.uk/tools/index.html, www.uniprot.org,
www.expasy.org, www.ncbi.nlm.nih.gov.