

ГЕНОМІКА ТА ПРОТЕОМІКА

Кафедра екобіотехнології та біорізноманіття

Факультет захисту рослин, біотехнологій та екології

<i>Лектор</i>	доц. Субін Олександр Володимирович,
<i>Семестр</i>	доц. Кваско Олена Юріївна
<i>Ступінь вищої освіти</i>	2
<i>Кількість кредитів ЄКТС</i>	Доктор філософії
<i>Форма контролю</i>	3
<i>Аудиторні години</i>	Залік
	30

Загальний опис дисципліни

Навчальна дисципліна «Геноміка та протеоміка» є вибірковою компонентою ОНП «Біотехнології біологічних систем» підготовки здобувачів третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти за спеціальністю Е1 Біологія та біохімія. Дисципліна спрямована на формування у здобувачів системного розуміння сучасних підходів до аналізу структури, функціонування та регуляції геномів і протеомів біологічних систем, а також на опанування теоретичних і методологічних засад використання біоінформатичних методів у наукових дослідженнях. У межах курсу розглядаються фундаментальні принципи організації генетичної інформації у прокаріотичних та еукаріотичних організмах, сучасні методи секвенування нуклеїнових кислот, підходи до аналізу та інтерпретації геномних даних, а також методи ідентифікації, кількісної оцінки та функціональної характеристики білків на протеомному рівні. Дисципліна має виражену дослідницьку спрямованість і орієнтована на розвиток у здобувачів навичок планування та виконання наукових досліджень із застосуванням методів геноміки та протеоміки, критичного аналізу результатів, підготовки наукових публікацій та використання отриманих даних у біотехнології. Засвоєння курсу створює методологічну основу для виконання дисертаційних робіт і реалізації міждисциплінарних дослідницьких проєктів на сучасному науковому рівні.

Теми лекцій:

1. Геноміка і протеоміка як інтегровані напрями сучасної молекулярної біології: структура, функції та регуляція генів і геномів.
2. Порівняльна організація геномів прокаріотичних та еукаріотичних організмів і принципи структурно-функціональної організації хромосом.

3. Біоінформатичні бази даних нуклеотидних послідовностей та стандарти зберігання геномної інформації.

4. Web-ресурси для аналізу геномних і протеомних даних: гомологія послідовностей та основи структурної біоінформатики білків.

5. Філогенетичний аналіз у геноміці: методи побудови дерев та філогенетична анотація генів.

6. Структурна геноміка та хромосомна архітектура: організація геномів на молекулярному рівні.

7. Сучасні технології секвенування геномів і протеомів та біоінформатичний аналіз секвенувальних даних.

8. Функціональна геноміка: регуляція експресії генів, білкові взаємодії та клітинні сигнальні шляхи.

Теми занять: (лабораторних)

1. Встановлення екзон-інтронної структури генів за допомогою біоінформаційних ресурсів.

2. Дизайн праймерів та флуоресцентних зондів для оцінки рівня експресії за допомогою TaqMan методики.

3. Розгляд бази NCBI та її підрозділів – GenBank, Genome, Taxonomy, Geo Datasets. База PATRIC. Геномний браузер UCSF.

4. Онлайн-тест із визначення нуклеотидної послідовності за результатами електрофоретичного розділення фрагментів ДНК.

5. Методи та алгоритми побудови філогенетичних дерев.

6. Результати філогенетичного аналізу. PHYLIP та різновиди його інструментів.

7. Візуалізація генетичних карт — MapViewer (NCBI). Взаємодія MapViewer з іншими інструментами.

8. Біоінформатичні онлайн-сервери, що ґрунтуються на аналізі геномних даних. Визначення відстані між геномами як спосіб видової класифікації — ANI calculator.

9. Підбір праймерів до певних ділянок генів для подальшої їх ампліфікації (на прикладі програм Primer 3 express, Fast PCR та інших).

10. Обчислення й візуалізація еволюційної відстані між таксонами - TimeTree.

11. Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням TaqMan та SYBR-green методики.

12. Дослідження швидкості еволюції різноманітних білків.

13. Принципи розрахунку швидкості еволюції білків. Розрахунок швидкості еволюції білків.

14. Блот гібридизація. Саузерн, нозерн, вестерн блотінг.

15. Використання електронних ресурсів для моделювання систем редагування геномів.