

**НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ БІОРЕСУРСІВ І
ПРИРОДОКОРИСТУВАННЯ УКРАЇНИ**

Кафедра екобіотехнології та біорізноманіття



“ЗАТВЕРДЖУЮ”

Декан факультету

захисту рослин, біотехнологій та екології

(Коломієць Ю.В.)

2024 р.

“СХВАЛЕНО”

на засіданні кафедри

екобіотехнології та біорізноманіття

Протокол № 05 від “13” травня 2024 р.

Завідувач кафедри

Кваско (Кваско О.Ю.)

”РОЗГЛЯНУТО”

Гарант ОНП «Біотехнології біологічних систем»

Гарант ОНП

Прилуцька (Прилуцька С.В.)

РОБОЧА ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

“ГЕНОМІКА ТА ПРОТЕОМІКА”

Галузь знань 09 «Біологія»

Спеціальність – 091 «Біологія та біохімія»

Освітньо-наукова програма – «Біотехнології біологічних систем»

Факультет захисту рослин, біотехнологій та екології

Розробник: завідувач кафедри, к.б.н., О.Ю. Кваско

(посада, науковий ступінь, вчене звання)

Київ – 2024 р.

Опис навчальної дисципліни

«Геноміка та протеоміка»

Галузь знань, спеціальність, освітня програма, освітній ступінь		
Освітньо-науковий ступінь	Доктор філософії	
Спеціальність	091 «Біологія та біохімія»	
Освітньо-наукова програма	«Біотехнології біологічних систем»	
Характеристика навчальної дисципліни		
Вид	Вибіркова	
Загальна кількість годин	150	
Кількість кредитів ECTS	5	
Кількість змістових модулів	Не передбачено	
Курсовий проект (робота)	Не передбачено	
Форма контролю	Іспит	
Показники навчальної дисципліни для денної та заочної форм навчання		
	денна форма навчання	заочна форма навчання
Курс (рік підготовки)	1	1
Семестр	2	2
Лекційні заняття	30 год	8 год
Практичні, семінарські заняття	30 год	12 год
Лабораторні заняття	-	-
Самостійна робота	90 год.	130 год.
Індивідуальні завдання	-	-
Кількість тижневих аудиторних годин для денної форми навчання	4 год	6 год

1. Мета, завдання та компетентності навчальної дисципліни

Метою викладання навчальної дисципліни «Геноміка та протеоміка» є поглиблене вивчення молекулярної організації геномів, механізмів їх перебудов, основних групи унікальних та повторюваних послідовностей, методів секвенування геномів, аналізу протеомів, біоінформатичних методів аналізу геномів та протеомів про- та еукаріотичних організмів.

Завдання курсу:

1. Формування вміння здобувачів використовувати сучасні методи молекулярної генетики для дослідження геномів та протеомів.

2. Поглиблення знання здобувачів про технології рекомбінантних ДНК, редагування геномів, клонування ДНК.

3. Формування вміння створювати хромосомні бібліотеки, будувати хромосомні генетичні карти та використовувати їх в генетичному аналізі.

Набуття компетентностей:

Інтегральна компетентність (ІК): Здатність розв'язувати комплексні завдання в галузі біології у процесі проведення дослідницько-інноваційної діяльності, що передбачає переосмислення наявних та створення нових цілісних знань, оволодіння методологією наукової та науковопедагогічної діяльності, проведення самостійного наукового дослідження, результати якого мають наукову новизну, теоретичне та практичне значення і інтегруються у світовий науковий простір через публікації.

Спеціальні (фахові) компетентності (ФК):

СК09. Здатність критично оцінювати отримані результати, приймати рішення та рекомендувати альтернативні стратегії вирішення проблем щодо створення та регулювання життєдіяльністю біологічних об'єктів, методів досліджень та технологій за їх участю.

СК10. Здатність оцінювати ризики впровадження сучасних біотехнологій для природнього навколишнього середовища, здоров'я людей, її відповідність національним і міжнародним стандартам та практикам.

СК11. Здатність розробляти нові та вдосконалювати існуючі біотехнології на основі розуміння наукових сучасних фактів, концепцій, теорій, принципів і методів біотехнології.

Програмні результати навчання (ПРН) ОП:

РН09. Знання і розуміння проблемних питань сучасної біотехнології (в тому числі і на межі предметних галузей) для створення новітніх біотехнологій.

РН10. Знання та використання сучасних фізіологічних, біохімічних та генетичних підходів для вдосконалення біологічних агентів і регуляції біотехнологічних процесів.

РН11. Мати передові концептуальні та методологічні знання з біотехнології і на межі предметних галузей, а також дослідницькі навички, достатні для проведення наукових і прикладних досліджень на рівні останніх світових досягнень з відповідного напрямку, отримання нових знань та/або здійснення інновацій.

2. Програма та структура навчальної дисципліни для:

- повного терміну денної (заочної) форми навчання;
- скороченого терміну денної (заочної) форми навчання.

Назви змістових модулів і тем	Кількість годин													
	денна форма							Заочна форма						
	тижні	усього	у тому числі					усього	у тому числі					
			л	п	лаб	інд	с.р.		л	п	лаб	інд	с.р.	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
Змістовий модуль 1. Геноміка та протеоміка														
Тема 1. Поняття геноміки та	1	10	2	2			6	11	1	1				9

протеоміки. Характеристика генів і геномів .													
Тема 2. Особливості організації генів прокаріот та еукаріот. Структурно- функціональна організація хромосом.	2	10	2	2			6	11	1	1			9
Тема 3. Бази даних нуклеотидних послідовностей. Формати зберігання молекулярної та біоінформаційної інформації.	2	10	2	2			6	10		1			9
Тема 4. Структура web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB. Гомологія, консервативність, схожість і ідентичність послідовностей та елементів просторової організації білків.	4	10	2	2			6	11	1	1			9
Тема 5. Філогенетика, філогенія та кладистичний аналіз.	5	10	2	2			6	10		1			9
Тема 6. Еволюція геномів.	6	10	2	2			6	11	1	1			9
Тема 7. Структурна геноміка . Хромосомні карти.	7	10	2	2			6	10		1			9
Тема 8. Секвенування геномів та протеомів. Молекулярні бази даних секвенованих послідовностей та	8	10	2	2			6	10	1				9

їх біоінформатичний аналіз.													
Тема 9. Технології рекомбінантних ДНК, їх застосування	9	10	2	2			6	10		1			9
Тема 10. Функціональна геноміка. Взаємодії генів, їх аналіз.	10	10	2	2			6	11	1	1			9
Тема 11. Експресія генів, її регуляція та методи дослідження.	11	10	2	2			6	9	1				8
Тема 12. Молекулярна еволюція білків, та їх класифікація.	12	10	2	2			6	9		1			8
Тема 13. Швидкість еволюції білків. Еволюційні дистанції.	13	10	2	2			6	9	1				8
Тема 14. Методи дослідження білкових молекул	14	10	2	2			6	9		1			8
Тема 15. Системи для редагування геномів	15	10	2	2			6	9		1			8
Разом за змістовим модулем 1		150	30	30			90	150	8	12			130
Усього годин		150	30	30			90	150	8	12			130

3. Теми практичних занять

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
1	Встановлення екзон-інтронної структури генів за допомогою біоінформаційних ресурсів.	2
2	Дизайн праймерів та флуоресцентних зондів для оцінки рівня експресії за допомогою TaqMan методики.	2
3	Розгляд бази NCBI та її підрозділів – GenBank, Genome, Taxonomy, Geo Datasets. База PATRIC. Геномний браузер UCSF.	2
4	Онлайн-тест із визначення нуклеотидної послідовності за результатом електрофоретичного розділення фрагментів ДНК - https://study.com/academy/practice/quizworksheet-the-sanger-method-of-dna-sequencing.html .	2

5	Методи та алгоритми побудови філогенетичних дерев.	2
6	Результати філогенетичного аналізу. PHYLIP та різновиди його інструментів.	2
7	Візуалізація генетичних карт — MapViewer (NCBI). Взаємодія MapViewer з іншими інструментами.	2
8	Біоінформатичні онлайн-сервери, що ґрунтуються на аналізі геномних даних. Визначення відстані між геномами як спосіб видової класифікації - ANI calculator (http://enveomics.ce.gatech.edu/ani/).	2
9	Підбір праймерів до певних ділянок генів для подальшої їх ампліфікації (на прикладі програм Primer 3 express, Fast PCR та інших).	2
10	Обчислення й візуалізація еволюційної відстані між таксонами – TimeTree (http://www.timetree.org/).	2
11	Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням Taq Man та SYBR-green методики.	2
12	Дослідження швидкості еволюції різноманітних білків.	2
13	Принцип розрахунку швидкості еволюції білків. Розрахунок швидкості еволюції білків.	2
14	Блот гібридизація. Саузерн, нозерн, вестерн блотінг.	2
15	Використання електронних ресурсів для моделювання систем редагування геномів.	2
Разом		30 год

4. Самостійна робота.

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
1	Основи роботи з пошуковими інструментами BLAST, FASTA.	5
2	Методи визначення послідовності нуклеїнових кислот: детекція від багатьох молекул до однієї молекули ДНК.	5
3	Механізми підтримання цілісності геному. Транскрипція та Трансляція. Особливості будови та функцій РНК-полімераз	5
4	Інсертаційні послідовності. Мобільні генетичні елементи (транспозони). Механізми транспозиції.	5
5	Анотування геномів та взаємодія окремих генів. Генні мережі.	5
6	Методи функціональної геноміки	5
7	In situ-гібридизація як метод побудови генетичних карт. Методи для виявлення окремих генів та оцінки їх функцій.	5
8	Секвенування за рахунок лігування – Solid. Мономолекулярне секвенування (SMRT) – PacBio. Нанопорове секвенування. Підготовка ДНК-бібліотеки для секвенування.	5
9	Порівняльна геноміка. Поняття гаплотипу і його значення для медицини, розуміння еволюції, Поняття однонуклеотидного варіанту (SNV), однонуклеотидного поліморфізму (SNP), варіанту за кількістю копій гена (CNV). Поняття синтенії, ортології та паралогії.	5
10	База InParanoid (http://inparanoid.sbc.su.se/cgi-bin/index.cgi). База COG на сайті NCBI.	5
11	Шляхи еволюції геномів, походження генетичного поліморфізму і	5

	бірізноманіття, роль горизонтального переносу генів	
12	Аналіз генів та з'ясування їх функції за структурною гомологією	5
13	Методи аналізу експресії геномів. Метод генних мікроматриць (генні чіпи). РНК секвенування (RNA-seq).	5
14	Функціональна геноміка. Характеристика й особливості основних етапів експресії генів бактерій і вірусів.	5
15	Секвенування нового покоління. Комерційні технології NGS.	5
16	Молекулярні бази даних GeneBank, EMBL, Data Library, SwissProt, та ін. Спеціалізація, структура і методи пошуку в них інформації.	3
17	Системи молекулярних маркерів – RAPD, SSR, ISSR, REMAP, IRAP, AFLP.	3
18	Методи кластеризації, що застосовуються для визначення філогенетичних відносин між біологічними видами на базі даних молекулярно-генетичного аналізу	3
19	Характеристика інженерних нуклеаз (мегануклеаз, Zn-finger nucleases, TALENs, CRISPR/Cas)	3
20	Синтетична геноміка. Основні задачі синтетичної геноміки. Поняття мінімального геному. Методи виявлення мінімального геному.	3
	Разом	90

5.

Засоби діагностики результатів навчання:

- екзамен;
- модульні тести;
- реферати;
- захист практичних робіт;
- презентації і усні наукові доповіді.

6. Методи навчання.

- словесний метод (лекція, дискусія, співбесіда тощо);
- практичний метод (практичні заняття); - наочний метод (метод ілюстрацій, метод демонстрацій);
- робота з навчально-методичною літературою (конспектування, тезування, анотування, рецензування, написання реферату, підготовка презентації і доповіді);
- відеометод (дистанційні, мультимедійні, веб-орієнтовані тощо);
- самостійна робота (виконання завдань).

7. Форми контролю.

- екзамен;
- усне або письмове опитування;
- модульне тестування;
- командні проекти;
- реферати, есе;
- захист практичних робіт;
- презентації та виступи на наукових заходах.

8. **Розподіл балів, які отримують здобувачі.** Оцінювання знань здобувача відбувається за 100-бальною шкалою і переводиться в національні оцінки згідно з табл. 1 «Положення про екзамен та заліки у НУБіП України».

Рейтинг здобувача, бали	Оцінка національна за результати складання	
	екзаменів	заліків
90-100	Відмінно	Зараховано
74-89	Добре	
60-73	Задовільно	Не зараховано
0-59	Незадовільно	

Для визначення рейтингу здобувача (слухача) із засвоєння дисципліни $R_{\text{дис}}$ (до 100 балів) одержаний рейтинг з атестації (до 30 балів) додається до рейтингу студента (слухача) з навчальної роботи $R_{\text{нр}}$ (до 70 балів): $R_{\text{дис}} = R_{\text{нр}} + R_{\text{ат}}$.

9. Навчально-методичне забезпечення

- електронний навчальний курс навчальної дисципліни (на навчальному порталі НУБіП України eLearn -<https://elearn.nubip.edu.ua/course/view.php?id=>);
- конспекти лекцій та їх презентації (в електронному вигляді);
- підручники, навчальні посібники, практикуми;
- методичні матеріали щодо вивчення навчальної дисципліни для здобувачів вищої освіти денної та заочної форм здобуття вищої освіти.

10. Рекомендовані джерела інформації

Основна література:

1. Сиволоб А. В. Молекулярна біологія: підручник / А. В. Сиволоб. – К.: Видавничо-поліграфічний центр «Київський університет», 2008. – 384с.
2. Сивлоб А. В. Генетика: підручник / А. В. Сиволоб, С. Р. Рушковський, С. С. Кір'яченко та ін; за ред. А. В. Сиволоба. – К.: Видавничо-поліграфічний центр «Київський університет», 2008. – 320с.
3. Столяр О. Молекулярна біологія. – К.: КМТ, 2015. – 226 с.
4. Кунах В.А. Мобільні генетичні елементи і пластичність геному рослин. – К: Логос, 2013. – 288 с.
5. Modern Genetic Analysis / Antony J.F. Griffiths, William M. Gelbart, Jeffrey H. Miller, Richard C. Lewontin, W.H. Freeman and Company. 2000. -p. 675.

6. IWGS- International wheat Genome Sequencing Consortium. A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome //Science. – 345 (6194), 1251788. <https://doi.org/10.1126/science.1251788/>
7. CRISPR protocols and methods. Springer nature experiments. https://experiments.springernature.com/techniques/crisprgclid=Cj0KCQjwv7L6BRDxARIsAGj-34o2y9MT4Qio62yCncWx0vXMS6852Isp9ROtH4LowwMqp3qSPwvkcwaAglIEALw_wcB
8. Горобець С. В. Біоінформатика. Практикум [Електронний ресурс]: навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, І.В. Дем'яненко; КПП ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані. – Київ: КПП ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 86с. <https://ela.kpi.ua/handle/123456789/38813>
9. Основи біоінформатики. Бази даних молекулярної біології. Практикум / Укладачі: Горобець С.В., Горобець О.Ю., Лень Т.С. – К.:ВПК “Політехніка”, 2009. – 68 с.
10. Chen, Yu Wai, Bennu Yiu, Chin-Pang (Eds.). Structural Genomics. Springer Science+Business Media, LLC, part of Springer Nature, 2021.
11. Yu Wai Chen (Editor). Structural Genomics: General Applications (Methods in Molecular Biology, 1091) 2014th Edition. Humana; 2014th edition.
12. Michael Sundstrom, Martin Norin, Aled Edwards. Structural Genomics and High Throughput Structural Biology. 2019 by CRC Press.
13. Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition, Kindle Edition. Wiley-Blackwell; 3rd edition.
14. Kaufmann, Michael, Klinger, Claudia, Savelsbergh, Andreas (Eds.) Functional Genomics. Springer Science+Business Media LLC, 2017.

Додаткова література

1. Бальвінська М. С., Волкова Н. Е., Колесник О. О., Солоденко А. Є., Чеботар С. В. Диференціація, ідентифікація, визначення типовості та гібридності сільськогосподарських культур за ДНК-профілювання / Методичні рекомендації – Одеса: «Астропринт». – 2015. – 39 с.
2. Applications of genetic and genomic research in cereals/ Ed. T. Miedaner & V. Korzun// Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition – Elsevier – 2018. – P 1-349.
3. Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O., Jarquín, D., de los Campos, G., Varshney, R. K. Genomic Selection in Plant Breeding: Methods, Models, and Perspectives // Trends in Plant Science. – 2017. – 22 (11). – P. 961–975.
4. Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics. 3rd edition. Wiley Blackwell, London. – 2015- 1116 p. ISBN 978-1-118-58178-0.
5. Rothberg JM, Leamon JH. The development and impact of 454 sequencing. Nat Biotechnol. 2008 Oct;26(10):1117-24.
6. Koonin EV. Darwinian evolution in the light of genomics. Nucleic Acids Res. 2009 Mar;37(4):1011-34.

Інформаційні ресурси

1. UniGene <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=unigene>
2. RefSeq (LocusLink) - Reference Sequence standards database:
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/RefSeq/>
3. SWISS-PROT - the protein sequence data bank:
<http://www.ebi.ac.uk/swissprot/http://www.expasy.ch/sprot/>
4. PROSITE - PROtein SITES and patterns dictionary:
<http://www.expasy.ch/prosite/>
5. PRIDE- Proteomics Identifications Database:
<http://www.ebi.ac.uk/pride/archive/>
6. <http://www.timetree.org/>
7. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
8. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>
9. <https://www.ebi.ac.uk/>
10. <https://www.uniprot.org/>
11. <http://www.megasoftware.net>
12. <http://www.Promega.com>