



## СИЛАБУС ДИСЦИПЛІНИ «Геноміка та протеоміка»

**Освітній вищий ступінь:** доктор філософії

**Спеціальність:** 091 «Біологія»

**Освітньо-наукова програма:** «Біотехнології біологічних систем»

**Рік навчання 2023-2024, семестр 3**

**Форма навчання** денна

**Кількість кредитів ЄКТС 5**

**Мова викладання** українська

**Лектор курсу**

**Контактна інформація  
лектора (e-mail)**

**Сторінка курсу в eLearn**

к.б.н. Кваско Олена Юріївна

Тел. (044) 527-85-17

kvasko\_o@nubip.edu.ua

### ОПИС ДИСЦИПЛІНИ (до 1000 друкованих знаків)

Дисципліна «Геноміка та протеоміка» є вибірковою для ОС доктор філософії за освітньо-науковою програмою «Біотехнології біологічних систем». Дисципліна передбачає вивчення особливостей організації та еволюції геномів прокариотичних та еукаріотичних організмів, структурно-функціональної організації хромосом, закономірності молекулярної еволюції мультигенних родин та повторюваних послідовностей. Значна увага приділяється методам розшифрування та аналізу геномів, молекулярному клонуванню та біоінформатичним методам дослідження геномів та протеомів.

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.

Вивчення дисципліни «Геноміка та протеоміка» забезпечує опанування таких загальних компетентностей, як знання та розуміння предметної області, здатність до пошуку, оброблення та комплексного аналізу інформації з різних джерел, здатність застосовувати знання в практичних ситуаціях, здатність генерувати нові ідеї та проводити наукові дослідження на відповідному рівні.

Вивчення дисципліни «Геноміка та протеоміка» забезпечує опанування таких фахових компетентностей, як здатність виявляти, формулювати та вирішувати проблеми дослідницького характеру в галузі біотехнології, сформулювати системний науковий світогляд та загальнокультурний кругозір, здатність оцінювати ризики впровадження сучасних біотехнологій для природного навколишнього середовища, здоров'я людей, її відповідність національним і міжнародним стандартам та практикам, здатність демонструвати знання і розуміння наукових фактів, необхідних для розроблення сучасних біотехнологій.

#### **Набуття компетентностей:**

*фахові (спеціальні) компетентності (ФК):*

ФК09. Здатність проводити теоретичні і експериментальні дослідження, математичне і комп'ютерне моделювання біотехнологічних процесів.

ФК10. Здатність демонструвати знання і розуміння наукових фактів, необхідних для розроблення сучасних біотехнологій.

ФК11. Здатність демонструвати творчий та інноваційний потенціал в синтезі рішень і в розробці природоохоронних біотехнологій.

#### **Програмні результати навчання (ПРН) ОП:**

РН04. Знання та використання сучасних фізіологічних, біохімічних та генетичних підходів для вдосконалення біологічних агентів і регуляції біотехнологічних процесів.

РН05. 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.

РН06. Розробляти та реалізовувати наукові та/або інноваційні проекти, які дають можливість

переосмислити наявне та створити нове цілісне знання та/або професійну практику і розв'язувати значущі наукові та технологічні проблеми біотехнології з дотриманням норм академічної етики і врахуванням соціальних, економічних, екологічних та правових аспектів.

PH09. Розробляти нові та вдосконалювати існуючі біотехнології отримання практично цінних біотехнологічних продуктів різного призначення і природоохоронні біотехнології.

PH10. Планувати і виконувати експериментальні та/або теоретичні дослідження з біотехнології та дотичних міждисциплінарних напрямів з використанням сучасних спеціалізованих знань та інструментальних методів, критично аналізувати результати власних досліджень і результати інших дослідників у контексті усього комплексу сучасних знань щодо досліджуваної проблеми.

### СТРУКТУРА КУРСУ

Тема	Години (лекції/практичн і роботи)	Результати навчання	Завдання	Оцінювання
<b>3 семестр</b>				
<b>Змістовний модуль 1. Геноміка та протеоміка</b>				
<b>Тема 1. Поняття геноміки та протеоміки. Характеристик а генів і геномів .</b>	2/2	<i>Знати:</i> цілі й завдання геноміки та протеоміки як науки, характеристики генів та геномів, будову генів та основні компоненти геномів та протеомів про- та еукаріот. <i>Вміти:</i> давати характеристику основним структурним компонентам геномів та протеомів про- та еукаріот. <i>Використовувати:</i> методи аналізу структурних компонентів генів, геномів та протеомів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 2. Особливості організації генів прокаріот та еукаріот. Структурно- функціональна організація хромосом.</b>	2/2	<i>Знати:</i> принципи структурно-функціональної організації геномів еукаріотичних організмів; <i>Вміти:</i> використовувати набуті знання для опису особливостей структурної організації та еволюції еукаріотичних геномів та окремих	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn

		груп полінуклеотидних послідовностей. <i>Використовувати:</i>	eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	
<b>Тема 3. Бази даних нуклеотидних послідовностей. Формати зберігання молекулярної та біоінформаційної інформації.</b>	2/2	<i>Знати:</i> основні бази нуклеотидних послідовностей, їх структуру та принцип роботи з ними, формати зберігання молекулярної та біоінформаційної інформації. <i>Вміти:</i> аналізувати нуклеотидні послідовності, здійснювати пошук відповідних нуклеотидних послідовностей у біоінформаційних базах даних. <i>Використовувати:</i> сучасні біоінформаційні бази даних для пошуку та аналізу нуклеотидних послідовностей.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn. Підготовка та написання модульної контрольної роботи (описова частина у формі письмової/усної відповіді – на аудиторних заняттях, тестова - на eLearn)	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 4. Структура web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB. Гомологія, консервативність, схожість і ідентичність послідовностей та елементів просторової організації білків.</b>	2/2	<i>Знати:</i> структуру web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB, поняття гомології, консервативності, схожості, ідентичності послідовностей та елементів просторової організації білків. <i>Вміти:</i> аналізувати послідовності та елементи просторової організації білків за допомогою web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn

		<i>Використовувати:</i> web-ресурси NCBI, UniProt, PIR та WWPDB для аналізу послідовностей та елементів просторової організації білків.		
<b>Тема 5. Філогенетика, філогенія та кладистичний аналіз.</b>	2/2	<i>Знати:</i> методи та алгоритми побудови філогенетичних дерев, види філогенетичних дерев. <i>Вміти:</i> будувати філогенетичні дерева, інтерпретувати результати філогенетичного аналізу. <i>Використовувати:</i> сучасне програмне забезпечення для побудови та аналізу філогенетичних дерев.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 6. Еволюція геномів.</b>	2/2	<i>Знати:</i> механізми еволюції геномів та їх компонентів; явище нестабільності геному, організацію та функціонування транспозонів. <i>Вміти:</i> аналізувати еволюційні зміни геномів різних груп живих організмів. <i>Використовувати:</i> сучасне програмне забезпечення для аналізу еволюційних змін геномів різних груп живих організмів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Ознайомитися з характеристикою пептидного зв'язку. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 7. Структурна геноміка . Хромосомні</b>	2/2	<i>Знати:</i> особливості фізичного картування хромосом,	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з	Виконання та здача практичних і самостійних

карти.		визначення локусу на хромосомах, принципи використання геномних карт в генетичному аналізі. <i>Вміти:</i> будувати фізичні карти хромосом. <i>Використовувати:</i> сучасні технології для побудови фізичних карт хромосом та їх візуалізації.	презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 8. Секвенування геномів та протеомів. Молекулярні бази даних секвенованих послідовностей та їх біоінформатичний аналіз.</b>	2/2	<i>Знати:</i> технології секвенування та аналізу геномів та протеомів, їх переваги та недоліки. <i>Вміти:</i> проводити аналіз даних розшифрування послідовностей геномів; <i>Використовувати:</i> молекулярні бази даних секвенованих послідовностей ДНК та амінокислот.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 9. Технології рекомбінантних ДНК, їх застосування</b>	2/2	<i>Знати:</i> сучасні технології рекомбінантних ДНК, наявні інструменти редагування геномів. <i>Вміти:</i> підбирати умови проведення і компоненти реакцій для створення рекомбінантних ДНК та внесення змін у послідовність ДНК <i>Використовувати:</i> програмне забезпечення для створення моделей та схем молекул	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn

		рекомбінантних ДНК; сучасні методи створення рекомбінантних ДНК.		
<b>Тема 10. Функціональна геноміка. Взаємодії генів, їх аналіз.</b>	2/2	<i>Знати:</i> поняття функціональної геноміки, типи взаємодії генів, способи їх аналізу. <i>Вміти:</i> аналізувати типи взаємодії генів, прогнозувати результат їх взаємодії. <i>Використовувати:</i> сучасні методи аналізу взаємодії генів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 11. Експресія генів, її регуляція та методи дослідження.</b>	2/2	<i>Знати:</i> механізм експресії генів, її регуляції, принципи та практичне застосування методів дослідження рівня експресії генів. <i>Вміти:</i> пояснювати основні регуляторні шляхи експресії генів, прогнозувати можливі способи впливу на рівень експресії генів. <i>Використовувати:</i> сучасні молекулярно-біологічні методи для дослідження рівня експресії генів (метод генних мікроматриць (генні чіпи), РНК секвенування (RNA-seq) тощо).	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 12. Молекулярна еволюція білків, та їх</b>	2/2	<i>Знати:</i> молекулярні механізми еволюції білків,	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з	Виконання та здача практичних і самостійних

<p><b>класифікація.</b></p>		<p>класифікацію білків за швидкістю еволюції.  <i>Вміти:</i>  застосовувати комп'ютерну програму MEGA5 для дослідження амінокислотних послідовностей та еволюційних зв'язків між ними.  <i>Використовувати:</i>  сучасні комп'ютерні програми для дослідження еволюції білків</p>	<p>презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn).  Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn.  Виконати самостійну роботу завдання на eLearn</p>	<p>робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p><b>Тема 13. Швидкість еволюції білків. Еволюційні дистанції.</b></p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> поняття швидкості еволюції, поняття про еволюційну дистанцію.  <i>Вміти:</i>  обраховувати величину еволюційної дистанції різними методами.  <i>Використовувати:</i>  сучасні методи обрахунку еволюційної дистанції.</p>	<p>Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn).  Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn.  Виконати самостійну роботу завдання на eLearn</p>	<p>Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p><b>Тема 14. Методи дослідження білкових молекул</b></p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> принцип та практичне застосування методів дослідження білкових молекул: двомірний гель-електрофорез, вестерн-блот аналіз тощо  <i>Вміти:</i>  інтерпретувати результати дослідження білкових молекул різними методами.  <i>Використовувати:</i></p>	<p>Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn).  Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn.  Виконати</p>	<p>Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>

		сучасні молекулярно-біологічні методи дослідження білкових молекул.	самостійну роботу завдання на eLearn	
<b>Тема 15. Системи для редагування геномів</b>	2/2	<i>Знати:</i> особливості, переваги та недоліки систем для редагування (мегануклеази, Zn-finger nucleases, TALENs, CRISPR/Cas9) <i>Вміти:</i> давати оцінку системам редагування геному згідно мети дослідження <i>Використовувати:</i> сучасні електронні ресурси для моделювання систем редагування геномів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Можливість отримання додаткових балів:	Додаткові бали можна отримати за підготовку доповіді та участь в студентській конференції			до 10 балів
<b>Всього за семестр</b>				<b>100x0,7 (максимум 70 балів)</b>
<b>Іспит</b>				<b>30 балів</b>
<b>Всього разом</b>				<b>100 балів</b>

### ПОЛІТИКА ОЦІНЮВАННЯ

<b>Політика щодо дедлайнів та перекладання:</b>	Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання модулів відбувається із дозволу лектора за наявності поважних причин (наприклад, лікарняний).
<b>Політика щодо академічної доброчесності:</b>	Списування під час контрольних робіт та екзаменів заборонені (в т.ч. із використанням мобільних девайсів). Самостійні роботи, реферати повинні мати коректні текстові посилання на використану літературу та/або електронні джерела.
<b>Політика щодо відвідування:</b>	Відвідування занять є обов'язковим. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, міжнародне стажування) навчання може відбуватись індивідуально (в онлайн формі за погодженням із деканом факультету).

### ШКАЛА ОЦІНЮВАННЯ ЗДОБУВАЧІВ

<b>Рейтинг здобувача вищої освіти, бали</b>	<b>Оцінка національна за результати складання екзамену</b>
90-100	відмінно
74-89	добре
60-73	задовільно
0-59	незадовільно



## 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. GriffTrlrs. Williarn M. GelbaTt, Jeffrey H. MilleT. Richard C. Leworrtirr. W.H. Freemap and Conrpany. 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/crispr?gclid=Cj0KCQjwv7L6BRDxARIsAGj-34o2y9MT4Qio62yCncWx0vXMS6852Isp9ROtH4LowwMqr3qSP-wvkewaAgIIEALw\\_wcB](https://experiments.springernature.com/techniques/crispr?gclid=Cj0KCQjwv7L6BRDxARIsAGj-34o2y9MT4Qio62yCncWx0vXMS6852Isp9ROtH4LowwMqr3qSP-wvkewaAgIIEALw_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 (1 файл 5.49 Мбайт). – 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., Ленъ 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 (November 9, 2013).
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 (August 17, 2015)
14. Kaufmann, Michael, Klingler, 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. doi:10.1016/j.tplants.2017.08.011
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. doi: 10.1038/nbt1485.
6. Koonin EV. Darwinian evolution in the light of genomics. Nucleic Acids Res. 2009 Mar;37(4):1011-34. doi: 10.1093/nar/gkp089.

### 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>