



## СИЛАБУС ДИСЦИПЛІНИ

### «Метагеноміка та біоміка мікроорганізмів»

**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 “Метагеноміка та біоміка мікроорганізмів” є вибірковою для ОС доктор філософії за освітньо-науковою програмою “Біотехнології біологічних систем”. Дисципліна передбачає вивчення метагеноміки та біоміки мікроорганізмів, принципів сучасних молекулярно-генетичних методів у наукових дослідженнях та виробничій діяльності на біотехнологічних підприємствах. Вивчення дисципліни надає здобувачам знань з основ метагеноміки, що дає можливість вивчати цілі біоми на геномному рівні, уникаючи ізоляції та культивування окремих видів та родів мікроорганізмів. Особлива увага приділяється методам молекулярної біології, зокрема, методам виділення та секвенування геномної ДНК мікроорганізмів, ДНК-мікроаррей, методам генетичного фінгерпринтингу, денатуруючого та температурного градієнтного гель-електрофорезу, випадкової ампліфікації поліморфної ДНК (RAPD), поліморфізмів довжин рестрикційних та термінально мічених рестрикційних фрагментів (RFLP та T-RFLP).

Метою викладання навчальної дисципліни «Метагеноміка та біоміка мікроорганізмів» є вивчення сукупності геномів мікроорганізмів докілья методами молекулярної генетики та інших галузей біологічної науки (біоінформатика, протеоміка, метаболоміка), оцінка можливості за допомогою метагеномного аналізу реконструювати мікробні угруповання, у тому числі некультивованих мікроорганізмів, практично будь-яких екосистем, визначити їхні функції, взаємини з макроорганізмами тощо; використання метагеномних даних для пошуку нових генів для біотехнологічної та фармацевтичної промисловості.

Вивчення дисципліни «Метагеноміка та біоміка мікроорганізмів» 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 «Метагеноміка та біоміка мікроорганізмів» забезпечує опанування таких фахових компетентностей, як здатність виявляти, формулювати та вирішувати проблеми дослідницького характеру в галузі біотехнології, сформувати системний науковий світогляд та загальнокультурний кругозір, здатність оцінювати ризики впровадження сучасних біотехнологій для природнього 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 продемонструвати знання і розуміння наукових фактів, необхідних для розроблення сучасних біотехнологій.

ФК11. Здатність продемонструвати 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.

РН09. Розробляти нові та вдосконалювати існуючі біотехнології отримання практично цінних біотехнологічних продуктів різного призначення і природоохоронні біотехнології.

РН10. 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>2 семестр</b>				
<b>Змістовний модуль 1. Метагеном та біом мікроорганізмів, методи їх вивчення</b>				
<b>Тема 1. Методи дослідження метагеному та біому мікроорганізмів.</b>	2/2	<i>Знати:</i> поняття метагеному, основні методи дослідження метагеному та біому мікроорганізмів. <i>Вміти:</i> давати визначення поняттям метагеном та біом, пояснити принцип та практичне застосування методів дослідження метагеному та біому мікроорганізмів <i>Використовувати:</i> електронні бази даних для вивчення метагеному та біому мікроорганізмів	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. Метагеном як екологічне джерело генів.</b>	2/2	<i>Знати:</i> алгоритми використання метагеномних даних в якості екологічного джерела генів <i>Вміти:</i>	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у

		використовувати метагеномні дані для пошуку генів <i>Використовувати:</i> електронні бази даних для пошуку генів	eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 3. Методи генетичного профілювання мікроорганізмів. Метод генетичного фінгерпринтингу.</b>	2/2	<i>Знати:</i> принцип та практичне застосування методу генетичного фінгерпринтингу. <i>Вміти:</i> інтерпретувати результати генетичного фінгерпринтингу <i>Використовувати:</i> метод фінгерпринтингу для генетичного профілювання мікроорганізмів.	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. Методи генетичного профілювання мікроорганізмів. DGGE- та TTGE – гелелектрофорез ДНК.</b>	2/2	<i>Знати:</i> принцип та практичне застосування методу DGGE- та TTGE – гелелектрофорезу ДНК. <i>Вміти:</i> інтерпретувати результати DGGE- та TTGE – гелелектрофорезу ДНК.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом

		<i>Використовувати:</i> метод DGGE- та TTGE – гель електрофорезу ДНК для генетичного профілювання мікроорганізмів.	заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	оцінювання в eLearn
<b>Тема 5. Методи мультилокусних маркерів ДНК</b>	2/2	<i>Знати:</i> поняття про мультилокусні маркери ДНК, принципи і практичне застосування методів мультилокусних маркерів ДНК. <i>Вміти:</i> застосовувати методи мультилокусних маркерів ДНК. <i>Використовувати:</i> методи мультилокусних маркерів ДНК.	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 6. Метод RAPD-PCR — випадкової ампліфікації ДНК.</b>	2/2	<i>Знати:</i> принцип та практичне застосування методу RAPD-PCR — випадкової ампліфікації ДНК. <i>Вміти:</i> інтерпретувати результати RAPD-PCR — випадкової ампліфікації ДНК. <i>Використовувати:</i> метод RAPD-PCR — випадкової ампліфікації ДНК.	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 7. Поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів</b>	2/2	<i>Знати:</i> поняття поліморфізмів довжин рестрикційних фрагментів, їх типи	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також

<p><b>ДНК-послідовностей</b></p>		<p>та застосування. <i>Вміти:</i> застосовувати поліморфізми довжин рестрикційного аналізу для метагеномних досліджень. <i>Використовувати:</i> методи молекулярної генетики для досліджень поліморфізмів довжин рестрикційних фрагментів ДНК.</p>	<p>повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn</p>	<p>Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p><b>Тема 8. Функціональний аналіз мікробних спільнот</b></p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> методи функціонального аналізу мікробних спільнот <i>Вміти:</i> застосовувати методи функціонального аналізу мікробних спільнот. <i>Використовувати:</i> методи функціонального аналізу мікробних спільнот.</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 9. Геномні бібліотеки. Бібліотеки клонів генів 16S РНК</b></p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> поняття про геномні бібліотеки, методи їх створення, поняття про бібліотеки клонів 16S РНК, їх значення. <i>Вміти:</i> геномні бібліотеки та бібліотеки клонів 16S РНК для пошуку, порівняння та аналізу генів <i>Використовувати:</i> геномні бібліотеки та бібліотеки клонів 16S РНК для пошуку,</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</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>

		порівняння та аналізу генів	на eLearn	
<b>Тема 10. Методи повногеномного секвенування.</b>	2/2	<i>Знати:</i> принципи та застосування методів повногеномного секвенування. <i>Вміти:</i> застосовувати методи повногеномного секвенування відповідно до мети дослідження; інтерпретувати результати секвенування. <i>Використовувати:</i> методи повногеномного секвенування	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. Метагеномні проекти на основі “shotgun”-секвенування мікробних угруповань.</b>	2/2	<i>Знати:</i> поняття про “shotgun”-секвенування мікробних угруповань, метагеномні проекти, розроблені на їх основі. <i>Вміти:</i> інтерпретувати результати “shotgun”-секвенування, аналізувати метагеномні проекти на їх основі <i>Використовувати:</i> метагеномні проекти на основі “shotgun”-секвенування.	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. Спеціалізовані комп'ютерні програми для аналізу нуклеотидних послідовностей та їх використання.</b>	2/2	<i>Знати:</i> програми для аналізу нуклеотидних послідовностей <i>Вміти:</i> аналізувати нуклеотидні послідовності за допомогою комп'ютерних програм. <i>Використовувати:</i> спеціалізовані	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з

		комп'ютерні програми для аналізу нуклеотидних послідовностей.	практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	журналом оцінювання в eLearn
<b>Тема 13. Піросеквенування як метод зчитування коротких послідовностей.</b>	2/2	<i>Знати:</i> принцип та застосування методу піросеквенування. <i>Вміти:</i> інтерпретувати та аналізувати результати піросеквенування <i>Використовувати:</i> використовувати бази даних та біоінформатичні програми для аналізу результатів піросеквенування.	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 14. Біоінформатичні бази даних .</b>	2/2	<i>Знати:</i> основні біоінформатичні бази даних <i>Вміти:</i> користуватись основними біоінформатичними базами даних для дослідження метагеному та біому мікроорганізмів. <i>Використовувати:</i> біоінформатичні бази даних для дослідження метагеному та біому мікроорганізмів.	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 15. Секвенування нового покоління, огляд методів</b>	2/2	<i>Знати:</i> принципи, переваги та недоліки методів секвенування нового покоління <i>Вміти:</i> давати характеристику методам секвенування	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та

	нового покоління, давати оцінку ефективності застосування методу згідно мети дослідження. <i>Використовувати:</i> бази даних для оцінки ефективності методів секвенування нового покоління.	здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	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 перескладання:</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

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

### Рекомендовані джерела інформації

#### Основна література:

1. Метагеномний аналіз для мікробної екології і біотехнології / Л.П. Овчаренко, Н.О. Козировська // Біополімери і клітина. — 2008. — Т. 24, № 3. — С. 199-211.
2. Ursel M, Schütte E, Abdo Z, et al. Advances in the use of terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analysis of 16S rRNA genes to characterize microbial communities. Applied Microbiol. Biotechnol. 2008. № 80 (3). P. 365–380.



3. Ahmadian A., Ehn M., Hober S. Pyrosequencing: history, biochemistry and future // *Clin. Chim. Acta.*–2006.–363, N 1–2.–P. 83–94.
4. Green Tringe S., Rubin M. Metagenomics: DNA sequencing of environmental samples. *Nature reviews: Genetics.* Nature Publishing Group. 2005. Vol. 6. P. 805–814.
5. Muyzer G., Waal E. C. D., Uitterlinden A. G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction amplified genes coding for 16S rRNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 1993. 59. P. 695–700.
6. Huson D. H., Auch A. F., Qi J., Schuster S. C. MEGAN analysis of metagenomic data // *Genome Res.*–2007.–3, N 2.– P. 377–389.
7. Reva O. N., Tummler B. Global features of sequences of bacterial chromosomes, plasmids and phages revealed by analysis of oligonucleotide usage patterns // *BMC Bioinformatics.*–2004.–5–P. 90.
8. Schmeisser C., Steele H., Streit W. R. Metagenomics, biotechnology with non-culturable microbes // *Appl. Microbiol. Biotechnol.*–2007.–75, N 5.–P. 955–962.
9. Schloss P. D., Handelsman J. Metagenomics for studying unculturable microorganisms: cutting the Gordian knot // *Genome Biol.*–2005.–6, N 8.–P. 229

### **Додаткова література**

1. Hugenholtz P. Exploring prokaryotic diversity in the genomic era. *Genome Biol.* 2002. V. 3. Reviews0003.
2. Ghebremedhin B., Layer F., König W., König B. Genetic classification and distinguishing of *Staphylococcus* species based on different partial gap, 16 rRNA, hsp60, rpoB, sodA, and tuf gene sequences. *J. Clin. Microbiol.* 2008. V. 46. P. 1019–1025.
3. Uroz S., Buee M., Murat C. [et al.]. Pyrosequencing reveals a contrasted bacterial diversity between oak rhizosphere and surrounding soil. *Environ Microbiol.* 2010. №. 2. P. 281– 288.
4. Raes J., Korbel J. O., Lercher M. J., von Mering C., Bork P. Prediction of effective genome size in metagenomic samples // *Genome Biol.*–2007.–8, N 1.–R10
5. Quaiser A., Ochsenreiter T., Klenk H. P., Kletzin A., Treusch A. H., Meure G., Eck J., Sensen C. W., Schleper C. First insight into the genome of an uncultivated crenarchaeote from soil // *Environ. Microbiol.*–2002.–4, N 10.–P. 603–611.
6. Yang Z. H., Xiaio Y., Zeng G. M., Xu Z. Y., Liu Y. S. Comparison of methods for total community DNA extraction and purification from compost // *Appl. Microbiol. Biotechnol.*–2007.–74, N 4.–P. 918–925.
7. Reva O. N., Tummler B. Differentiation of regions with atypical oligonucleotide composition in bacterial genomes // *BMC Bioinformatics.*–2005.–6–P. 251.

### **Інформаційні ресурси**

1. <http://www.timetree.org/>
2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
3. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>
4. <https://www.ebi.ac.uk/>
5. <https://www.uniprot.org/>