



МИНОБРНАУКИ РОССИИ
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
ФГБОУ ВО «ИГУ»
Кафедра микробиологии



Декан биолого-почвенного факультета
А. Н. Матвеев
«24» марта 2023 г.

Рабочая программа дисциплины (модуля)

Наименование дисциплины: Б1.В.14 «**ОСНОВЫ ГЕНОМИКИ И ПРОТЕОМИКИ**»

Направление подготовки: 06.03.01 «Биология»

Направленность (профиль) подготовки: «Микробиология»

Квалификация выпускника: Бакалавр

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК
биолого-почвенного факультета
Протокол № 5 от «24» марта 2023 г.

Председатель  А. Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой:
Протокол № 5
От «10» февраля 2023 г.

Зав. кафедрой  Б. Н. Огарков

Иркутск 2023 г.

Содержание

	стр
I. Цель и задачи дисциплины	3
II. Место дисциплины в структуре ОПОП	3
III. Требования к результатам освоения дисциплины	3
IV. Содержание и структура дисциплины	5
4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов	5
4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине	7
4.3 Содержание учебного материала	9
4.3.1 Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ...	11
4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение в рамках самостоятельной работы студентов	12
4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов	14
4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов)	14
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины	15
а) перечень литературы	15
б) периодические издания	15
в) список авторских методических разработок	15
г) базы данных, поисково-справочные и информационные системы	15
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины	16
6.1. Учебно-лабораторное оборудование	16
6.2. Программное обеспечение	16
6.3. Технические и электронные средства обучения	16
VII. Образовательные технологии	16
VIII. Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации	17

I. Цель и задачи дисциплины:

Цель: познакомить студентов с современными технологиями геномики и протеомики, используемыми в решении проблем поиска, выделения, идентификации и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, а также продуктов их жизнедеятельности.

Задачи:

- дать представление об основных понятиях и направлениях исследований геномики и протеомики;
- охарактеризовать основные методы и используемое оборудование для изучения структуры и функции генома и протеома микроорганизмов;
- продемонстрировать методы геномики и протеомики для поиска, выделения, идентификации и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, а также продуктов их жизнедеятельности;
- познакомить с достижениями в области изучения генома, транскриптома и протеома клеток микроорганизмов и перспективах постгеномных исследований.

II. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОПОП ВО

2.1. Учебная дисциплина Б1.В.14 «Основы геномики и протеомики» относится к части, формируемой участниками образовательных отношений Блока 1.Дисциплины (модули).

2.2. Для изучения данной учебной дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами: «Генетика», «Молекулярная биология», «Генетика микроорганизмов с основами генной инженерии» «Информатика и информационно-коммуникационные технологии», «Физико-химические методы в биологии».

2.3. Перечень последующих учебных дисциплин, для которых необходимы знания, умения и навыки, формируемые данной учебной дисциплиной: «Преддипломная практика, в том числе научно-исследовательская работа».

III. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Процесс освоения дисциплины направлен на формирование компетенций в соответствии с ФГОС ВО и ОП ВО по данному направлению подготовки 06.03.01 «Биология», профиль «Микробиология»:

ПК-2: способен применять методы выделения, культивирования, описания и идентификации микроорганизмов, использовать навыки работы с современной аппаратурой в лабораторных и производственных условиях, организовать работу в микробиологической лаборатории в соответствии с требованиями безопасности и охраны труда.

ПК-3: способен использовать знания об основах микробной биотехнологии, селекционной работы и генетического конструирования микроорганизмов, необходимых для решения промышленных, сельскохозяйственных, медицинских и экологических проблем.

Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с индикаторами достижения компетенций

Компетенция	Индикаторы компетенций	Результаты обучения
ПК-2: способен применять методы выделения, культивирования,	ИДК ПК-2.1: Организует работу в микробиологической	Знать: современные технологии и необходимое для их реализации оборудование микробиологической

<p>описания и идентификации микроорганизмов, использовать навыки работы с современной аппаратурой в лабораторных и производственных условиях, организовать работу в микробиологической лаборатории в соответствии с требованиями безопасности и охраны труда</p>	<p>лаборатории в соответствии с требованиями безопасности и охраны труда.</p>	<p>лаборатории. Уметь: организовать безопасную эксплуатацию современного оборудования для сотрудников микробиологической лаборатории. Владеть: принципами работы с современной аппаратурой в лабораторных условиях.</p>
<p><i>ПК-3:</i> способен использовать знания об основах микробной биотехнологии, селекционной работы и генетического конструирования микроорганизмов, необходимых для решения промышленных, сельскохозяйственных, медицинских и экологических проблем.</p>	<p><i>ИДК ПК-2.3</i> Использует методы выделения, культивирования, идентификации микроорганизмов и способы их хранения.</p> <p><i>ИДК ПК-3.2</i> Применяет методические подходы для поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, продуктов их жизнедеятельности</p>	<p>Знать: принципы современных геномных методов идентификации микроорганизмов. Уметь: грамотно выделять, культивировать и сохранять пробы для геномного исследования. Владеть: навыками выделения геномной ДНК микроорганизмов.</p> <p>Знать: методические подходы геномики и протеомики, используемые для поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, продуктов их жизнедеятельности. Уметь: интерпретировать и применять полученные результаты для решения промышленных, сельскохозяйственных, медицинских и экологических проблем. Владеть: основными методическими приемами в изучении генома и протеома микроорганизмов.</p>

IV. СОДЕРЖАНИЕ И СТРУКТУРА ДИСЦИПЛИНЫ

Объем дисциплины составляет 3 зачетных единицы, 108 часов.

Из них реализуется с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий 50 часов.

Форма промежуточной аттестации: зачет.

4.1 Содержание дисциплины, структурированное по темам, с указанием видов учебных занятий и отведенного на них количества академических часов

№ п/н	Раздел дисциплины/тема	Семестр	Всего часов	Из них практическая подготовка обучающихся	Виды учебной работы, включая самостоятельную работу обучающихся, практическую подготовку и трудоемкость (в часах)				Форма текущего контроля успеваемости/ Форма промежуточной аттестации (по семестрам)
					Контактная работа преподавателя с обучающимися			Самостоятельная работа	
					Лекция	Практическое занятие	Консультация		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	Раздел I. Методология геномики. Тема 1. Предпосылки возникновения геномики. Проект «Геном человека».	8	7		2	3	-	2	Решение задач, КСР, письменная работа
2	Тема 2. Этапы и методы экспериментального изучения генома.	8	7		2	3	-	2	Решение задач, коллоквиум письменная работа, КСР
3	Тема 3. Современные высокопроизводительные методы секвенирования геномов.	8	7		2	3	-	2	Доклад КСР
4	Раздел II. Направления и методы исследований в геномике.	8	7		2	3	-	2	КСР, коллоквиум

	Тема 4. Структурная геномика.								
5	Тема 5. Сравнительная геномика	8	7		2	3	-	2	Коллоквиум, письменная работа, КСР
6	Тема 6. Функциональная геномика (транскриптомика).	8	7		2	3	-	2	Коллоквиум, письменная работа, КСР
7	Раздел III. Методология и направления исследований протеомики. Тема 7. Цели и задачи протеомики. Проект «Протеом человека».	8	7		2	3	-	2	Коллоквиум, КСР
8	Тема 7. Основные направления и подходы к анализу протеома.	8	7		2	3	-	2	Коллоквиум, КСР
9	Тема 8. Структурная протеомика, основанная на использовании электрофореза в полиакриламидном геле	8	7		2	3	-	2	Коллоквиум, КСР
10	Тема 9. Масс-спектрометрические методы в протеомике.	8	7		2	3	-	2	Доклад
11	Тема 10. Функциональная протеомика: цель, задачи и методы. Системная биология.	8	7		2	3	-	2	Коллоквиум, КСР
12	Раздел IV. Методы «омик» для практики Тема 11. Взаимосвязь геномики, протеомики и биоинформатики при решении проблем поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, продуктов их жизнедеятельности.	8	9		2	3	-	4	Доклад

4.2 План внеаудиторной самостоятельной работы обучающихся по дисциплине

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
8	Раздел I. Методология геномики. Тема 1. Предпосылки возникновения геномики. Проект «Геном человека».	Внеаудиторная, репродуктивно-конструктивного вида, воспроизводящая и художественно-образная с использованием медиа-контента	25	2	Письменная работа	1а, 1в, 2в
8	Тема 2. Этапы и методы экспериментального изучения генома.	Внеаудиторная, воспроизводящая (тренировочная) с использованием медиа-контента	26	2	Письменная работа	1а, 2в, б1-4
8	Тема 3. Современные высокопроизводительные методы секвенирования геномов.	Вне- и аудиторная, репродуктивного вида, обзорная и проверочная	27	2	Доклад	2а, 3а, 2в, б1-4
8	Раздел II. Направления и методы исследований в геномике. Тема 4. Структурная геномика.	Внеаудиторная, познавательно-поискового вида с использованием геномной базы данных	28	2	Письменная работа	1а, 2в, 1г, б1-4
8	Тема 5. Сравнительная геномика	Внеаудиторная, репродуктивно-конструктивного вида, тренировочная с использованием медиа-контента	29	2	Письменная работа	1а, 4а, 2в, 1г, б1-4
8	Тема 6. Функциональная геномика.	Внеаудиторная, репродуктивно-конструктивного вида, тренировочная с использованием медиа-контента	30	2	Письменная работа	1а, 2в, б1-4
8	Раздел III. Методология и направления исследований протеомики. Тема 7. Методология протеомики.	Внеаудиторная, познавательно-поискового вида, констатирующая задача с использованием медиа-контента	31	2	Коллоквиум	1а, 2в, б1-4

Семестр	Название раздела, темы	Самостоятельная работа обучающихся			Оценочное средство	Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы
		Вид самостоятельной работы	Сроки выполнения	Трудоемкость (час.)		
8	Тема 7. Основные направления и подходы к анализу протеома	Внеаудиторная, познавательного-практического вида с использованием медиа-контента	32	2	Коллоквиум	1а, 2в, б1-4
8	Тема 8. Структурная протеомика, основанная на использовании электрофореза в полиакриламидном геле	Внеаудиторная, познавательного-поискового вида с использованием медиа-контента и белковой базы данных.	33	2	Коллоквиум	1а, 2в, 2г, 3г, б1-4
8	Тема 9. Масс-спектрометрические методы в протеомике	Вне- и аудиторная, репродуктивного вида, обзорная и проверочная с использованием медиа-контента	34	2	Доклад	1а, 2в, б1-4
8	Тема 10. Функциональная протеомика: цель, задачи и методы. Системная биология.	Внеаудиторная, познавательного-практического вида с использованием медиа-контента	35	2	Коллоквиум	1а, 2в, б1-4
8	Раздел IV. Методы «омик» для практики. Тема 11. Взаимосвязь геномики, протеомики и биоинформатики при решении проблем поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, продуктов их жизнедеятельности.	Внеаудиторная, познавательного-поискового, познавательного-практического и творческого видов, включающая логически-поисковую и научно-творческую работу с использованием медиа-контента.	36	4	Доклад	1а, 2а,3а,4а,2в, 1г, 2г, 3г, б1-4
Общий объем самостоятельной работы по дисциплине (час) – 26						
Из них объем самостоятельной работы с использованием электронного обучения и дистанционных образовательных технологий (час) - 26						

4.3 Содержание учебного материала

Раздел I. Методология геномики

Тема 1. Предпосылки возникновения геномики. Основные положения классической генетики. Вклад генетики микроорганизмов. Молекулярная генетика. Центральная догма молекулярной биологии. Биоинформатика. Развитие аналитических методов. Технологии рекомбинантных ДНК. Проект «Геном человека».

Тема 2. Этапы и методы экспериментального изучения генома. Подходы к картированию геномов. Стратегия «прямой генетики». Стратегия «обратной генетики». Типы геномных карт и их взаимоотношения. Генетическое картирование: методы. Физические карты низкого разрешения (цитологические карты). Гибридизация *in situ*, хромосомный пэинтинг. Методы разделения хромосом. Электрофорез в пульсирующем поле (PFGE), микродиссекция и жидкостная сортировка. RH – картирование. Стратегии построения физических карт ДНК высокого разрешения. Рестрикционные карты. Методы секвенирования ДНК первого поколения. Векторные системы для клонирования крупных фрагментов ДНК. Вариабельность генома. Мутации и полиморфизмы. Типы вариабельности последовательности ДНК. SNP, микросателлиты, минисателлиты. Понятие о молекулярно-генетических маркерах. Молекулярные маркеры, основанные на ПЦР. Картирование с помощью молекулярно-генетических маркеров. Преимущества молекулярных маркеров. ПДРФ-анализ, области применения. Генетический скрининг с помощью ДНК-микрочипов. Современное оборудование микробиологической лаборатории для качественного проведения исследований и соблюдения безопасных условий труда.

Тема 3. Современные высокопроизводительные методы секвенирования геномов, их преимущества и недостатки. Методы NGS (MPS). Секвенирование синтезом: пиросеквенирование — 454 Life Sciences (Roche); синтез с обратимой терминацией — Solexa (Illumina); полупроводниковое секвенирование — Ion Torrent (Life Technologies). Секвенирование лигированием — SOLiD (Life Technologies). Методы NNGS: одномолекулярное секвенирование (Helicos Biosciences); секвенирование в реальном времени (Pacific Biosciences); нанопоровое секвенирование (Oxford Nanopore Technologies). Геномика одиночных клеток. Сборка полной последовательности генома. Стратегии сборки ДНК-клонов. Прогулка по хромосоме. Фингерпринтирование с помощью ферментов рестрикции, с помощью повторяющихся последовательностей ДНК. Создание скэффолдов и контигов. NCBI's Map Viewer: инструмент для интеграции генетических и физических карт.

Раздел II. Направления и методы исследований в геномике

Тема 4. Структурная геномика. Аннотация последовательности. Распознавание генов. Поиск ОРС. Классификация генов. Регуляторные последовательности. Биоинформатический анализ последовательности. Геномные базы данных. Особенности организации геномов. Особенности организации геномов вирусов. Особенности организации геномов прокариот. Особенности организации геномов эукариот. Структура генома человека. Структура методических подходов, применяемых при анализе микробиома с использованием высокопроизводительного секвенирования. «Метабаркодинг» идентификация таксономического состава сообщества из образцов окружающей среды путем амплификации и высокопроизводительного секвенирования последовательностей маркерных генов-баркодов (например, 16S для прокариот). Редактирование генома прокариот.

Тема 5. Сравнительная геномика. Сравнение последовательностей. Консенсусные и консервативные последовательности. Минимальный геном, необходимый для жизни. Понятие о Сайзере. Эволюционная геномика. Ортологи. Паралоги. Ксенологи. Горизонтальный перенос генов. Понятие о гаплотипе. Теория молекулярных часов и филогенетические деревья. Происхождение и эволюция генов, геномов, организмов. Генные

дубликации и «тасующиеся» экзоны. Мультигенные семейства. Сравнительная геномика бактерий микробиоты кишечника человека. Метагеномика и другие методы «омики».

Тема 6. Функциональная геномика. Понятие о транскриптоме. Проект ENCODE. Регуляторная, транскрибирующаяся, транслирующаяся части генома. Уровни исследования в функциональной геномике. Биоинформатический анализ. Глубокий функциональный анализ. Репортерные системы. Сила промотора. κДНК и EST-маркеры. Функциональные биомаркеры (гены) для диагностики и метагеномного анализа. Современные технологии получения κДНК-библиотек. Метод дифференциального дисплея, вычитающей гибридизации и др. SMART и Maraton- технологии. Проект RIKEN. Кластер UniGene. Нокаут генов. РНК-интерференция. Поиск антисенс-транскриптов. Микроэррей. ДНК-оригами. Чем представлен транскриптом. Некодирующие РНК. Транслирующаяся часть генома. Смена центральной догмы молекулярной биологии.

Раздел III. Методология и направления исследований протеомики.

Тема 7. Методология протеомики. Проект «Протеом человека». Особенности протеомных исследований: отличие от биохимии и иммунохимии. Понятие о протеомной карте.

Основные направления и подходы к анализу протеома: структурная протеомика, функциональная протеомика, практическая протеомика. Общие подходы к получению информации о молекулах белков и их взаимодействиях: экспериментальный (*in vivo* и *in vitro*); биоинформатический (*in silico*). Основные центры протеомной биоинформатики. Всемирная база данных белковых последовательностей и функций - UniProt (Universal Protein Resource).

Тема 8. Структурная протеомика, основанная на использовании электрофореза в полиакриламидном геле. Выделение белков протеома (пробоподготовка). Протеомный айсберг. Разделение белков протеома. Двумерный денатурирующий электрофорез в полиакриламидном геле. Методы окраски 2D-гелей. Ионообменная, обратно-фазовая и высокоэффективная жидкостная хроматография. Важнейшие параметры хроматографического разделения. Определение первичной структуры и идентификация белков. Иммуноферментный анализ и иммуноблоттинг.

Тема 9. Масс-спектрометрические методы в протеомике. Процессы типичной процедуры масс-спектрометрии. Принципиальная схема масс-спектрометра. Ионизация. Матричная лазерная десорбция/ионизация. Электрораспылительная ионизация, или «электроспрей». Типы масс-анализаторов. Детекторы. Гибридный масс-анализатор Orbitrap 3. Панорамная и таргетная масс-спектрометрия. Стратегии масс-спектрометрической характеристики белков протеома. Посттрансляционные модификации белков. Масс-спектрометрия пост-трансляционных модификаций (PTM). Пространственная структура белков и белковые семейства. Биоинформатический анализ структур белков, протеомные базы данных и программное обеспечение.

Тема 10. Функциональная протеомика: цель, задачи и методы. Методы функциональной протеомики: дрожжевая двугибридная система, аффинная хроматография, рентгеноструктурный анализ и ЯМР. Межбелковые взаимодействия. Взаимодействия белков с ДНК и РНК. Интерактом. Генные сети. Метаболомика. Метаболическая реконструкция. Возможности практического применения. Синтетическая геномика. Белковая инженерия. Докинг. Системная биология.

Раздел IV. Методы «омик» для практики

Тема 11. Взаимосвязь геномики, протеомики и биоинформатики при решении проблем поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, продуктов их жизнедеятельности, конструирования новых лекарственных средств.

4.3.1. Перечень семинарских, практических занятий и лабораторных работ

№ п/н	№ раздела и темы	Наименование практических работ	Трудоемкость (час.)		Оценочные средства	Формируемые компетенции (индикаторы)*
			Всего часов	Из них практическая подготовка		
1	2	3	4	5	6	7
1	I.1	Генетика и технологии рекомбинантных ДНК	3		Решение задач	ПК-2 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
2	I.2	Этапы и методы экспериментального изучения генома.	3		Коллоквиум решение задач	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ПК-3 ИДК ПК 3.2
3	I.3.	Современные высокопроизводительные методы секвенирования геномов.	3		Доклад	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
4	II.4.	Геномные базы данных. Метагеномика и методы, применяемые при анализе микробиома.	3		Коллоквиум	ПК-2 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
5	II.5	Сравнительная геномика бактерий. Консенсусные и консервативные последовательности.	3		Коллоквиум	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
6	II.6.	Функциональная геномика. Методы изучения экспрессии генов.	3		Коллоквиум	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
7	III.7	Методы биохимии и иммунохимии в изучении белков. Протеомная карта.	3		Коллоквиум	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
8	III.8	Методы протеомного анализа: электрофорез в полиакриламидном геле	3		Коллоквиум	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
9	III.9	Масс-спектрометрические методы в протеомике	3		Доклад	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
10	III.10	Функциональная протеомика: цель, задачи и методы	3		Коллоквиум	ПК-2 ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2

11	IV.11	Геномика, протеомика при решении проблем поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов, продуктов их жизнедеятельности	3		Доклад	ПК-2 ИДК ПК 2.3 ПК-3 ИДК ПК 3.2
----	-------	---	---	--	--------	--

4.3.2. Перечень тем (вопросов), выносимых на самостоятельное изучение студентами в рамках самостоятельной работы (СРС)

№ п/п	Тема	Задание	Формируемая компетенция	ИДК
1.	Тема 1. Предпосылки возникновения геномики. Проект «Геном человека».	1. Просмотр видео с выступлением Барри Шулера «Зачем нам геномика», 22 мин; видео-лекции «Генетика и геномика» Н.К. Янковского, 44 мин.; лекции Проект «Геном человека» 12 мин 55 сек; 2. Написание эссе на тему «Зачем мне геномика?».	ПК-2	ИДК ПК 2.3
2.	Тема 2. Этапы и методы экспериментального изучения генома.	1. Просмотр видео: «Прогулка по лаборатории» 2 мин и «Знакомство с методами выделения геномной ДНК» 13мин 49сек; 2. Письменный ответ на вопросы: «Какие этапы необходимы для выделения ДНК какого-либо организма, какое оборудование и реагенты нужны для этого?» и «Современное оборудование микробиологической лаборатории для качественного проведения исследований и соблюдения безопасных условий труда».	ПК-2, ПК-3	ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ИДК ПК 3.2
3.	Тема 3. Современные высокопроизводительные методы секвенирования геномов.	1. Просмотр видео: «Технологии секвенирования», 40 мин 51 сек. и «Подготовка ДНК библиотек для секвенатора Illumina MiSeq DNA library preparation for Illumina MiSeq p», 13 мин 21 сек; «Что такое NGS и как это работает: лабораторные аспекты»; «Секвенирование нанопорами: от ДНК до белковых последовательностей»;	ПК-2, ПК-3	ИДК ПК 2.1 ИДК ПК 2.3 ИДК ПК 3.2

		«Геномика одиночных клеток», 1.14.29 час. 2.Подготовка доклада с презентацией по одной из современных технологий секвенирования ДНК.		
4.	Тема. 4. Структурная геномика.	1.Работа с базой геномных данных NCBI. 2. Перечислить три ключевых этапа секвенирования NGS. Найти и записать информацию о количестве полностью секвенированных геномов к настоящему времени у вирусов, архей, бактерий, эукариот и человека, находящихся в базе данных	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
5.	Тема 5. Сравнительная геномика	1.Разбор основных понятий сравнительной геномики: ортологи, паралоги, ксенологи; 2. Просмотр видео: «Сравнительная геномика», 9 мин 52 сек; «Метагеномика», лекции 1,2, 50 мин; «Метагеномика — скрытое биоразнообразие и новые молекулы»,. 53мин 18 сек; «Редактирование генома», 48мин 40 сек; 3. Письменный ответ на вопрос: «На какие вопросы может ответить сравнение геномов и генов микроорганизмов?».	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
6.	Тема 6. Функциональная геномика	1.Просмотр видео: Некодирующие РНК, 57 мин; 2. Чтение главы из книги Long Noncoding RNAs и письменное изложение одного из методов анализа экспрессии генов.	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
7	Тема 7. Методология протеомики.	Просмотр видео: «Автостопом по протеомике», 56мин 47сек.	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
8	Тема 7. Основные направления и подходы к анализу протеома	2. Просмотр видео-лекции Сергея Александровича Мошковского «20 лет протеомики – что для медицины?» 1.09.58 час.	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
9	Тема 8. Структурная протеомика, основанная на использовании электрофореза в полиакриламидном	1.Просмотр видео: Белковый электрофорез в денатурирующих условиях (SDS PAGE) 51 мин.44сек.; 2. Работа со Всемирной базой данных белковых	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2

	геле	последовательностей и функций - UniProt (Universal Protein Resource).		
10	Тема 9. Масс-спектрометрические методы в протеомике	1. Просмотр видео: «Что такое масс-спектрометр. Как и зачем ученые «взвешивают» молекулы», 1.35.27 час.; 2. Подготовка доклада с презентацией по одному из этапов масс-спектрометрии.	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
11	Тема 10. Функциональная протеомика: цель, задачи и методы. Системная биология.	1. Просмотр видео-лекции Иванова А.С. «Белковая интерактомика», 1.11.05 час. 2. Просмотр видео: Yeast-two-hybrid screen (Y2H) 4.38 мин.	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2
12	Тема 11. Взаимосвязь геномики, протеомики и биоинформатики при решении проблем поиска, выделения и отбора перспективных штаммов микроорганизмов	1. Просмотр видео: Молекулярные методы идентификации микроорганизмов, 1.22.54 час. 2. Знакомство с MALDI BIOTYPER - первой масс-спектрометрической системой для идентификации микроорганизмов и с микробиологическим анализатором VastoSCREEN для идентификации микроорганизмов и изучения их чувствительности к антибиотикам. 3. Разработка плана работы по выделению, изучению и идентификации нового штамма с использованием методов геномики и протеомики. Подготовка доклада.	ПК-2, ПК-3	<i>ИДК</i> ПК 2.1 <i>ИДК</i> ПК 2.3 <i>ИДК</i> ПК 3.2

4.4. Методические указания по организации самостоятельной работы студентов

Самостоятельная работа студентов является составной частью учебного процесса и имеет целью закрепление и углубление полученных знаний и навыков, поиск и приобретение новых знаний, а также выполнение учебных заданий, подготовку к предстоящим занятиям, зачету. Методические указания по самостоятельной работе для студентов по дисциплине «Основы геномики и протеомики» размещены на Образовательном портале ИГУ (<https://educa.isu.ru>).

4.5. Примерная тематика курсовых работ (проектов): не предусмотрены учебным планом.

V. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

а) перечень литературы

1. Чемерилова В. И. Основы геномики и протеомики: технологии рекомбинантных ДНК первого поколения (генная инженерия) : учеб. пособие / В. И. Чемерилова. – Иркутск : Изд-во ИГУ, 2014. – 280 с.
2. Применение современных молекулярно-биологических методов для поиска и клонирования полноразмерных нуклеотидных последовательностей к ДНК : учебное пособие / Д. В. Ребриков, Д. О. Коростин, В. Л. Ушаков, Е. В. Барсова. — Москва : НИЯУ МИФИ, 2011. — 88 с. — ISBN 978-5-7262-1481-8. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/75704>.
3. NGS: высокопроизводительное секвенирование / Д. В. Ребриков, Д. О. Коростин, Е. С. Шубина, В. В. Ильинский ; под общей редакцией Д. В. Ребрикова. — 3-е изд. — Москва : Лаборатория знаний, 2020. — 235 с. — ISBN 978-5-00101-654-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/151534>
4. Орлова, М. В. Методы изучения филогении прокариот : учебное пособие / М. В. Орлова, М. Ю. Грабович. — Воронеж : ВГУ, 2017. — 66 с. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/154752>

б) периодические издания

1. Журнал «Микробиология», РАН (Мостка); <http://www.e-library.ru>
2. Журнал «Молекулярная генетика, микробиология и вирусология», ООО Издательство "Медиа Сфера" (Москва); <http://www.e-library.ru>
3. Журнал «Прикладная биохимия и микробиология», изд-во ООО "ИКЦ "Академкнига" (Москва); <http://www.e-library.ru>
4. Вавиловский журнал генетики и селекции, Новосибирск, СО РАН: <http://www.bionet.nsc.ru/vogis/>; <http://www.e-library.ru>.

в) список авторских методических разработок:

1. Чемерилова В.И. Основы геномики и протеомики: технологии рекомбинантных ДНК первого поколения (генная инженерия) : учеб. пособие / В. И. Чемерилова. – Иркутск : Изд-во ИГУ, 2014. – 238 с.
2. Учебно-методические материалы (презентации к лекциям, задания для самостоятельной работы, методические указания по самостоятельной работе студентов, сборник задач, список образовательных медиа-материалов), выложенные в ЭИОС ИГУ (<https://educa.isu.ru>).

г) базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - Национальный центр биотехнологической информации США (NCBI).
2. <https://www.uniprot.org> - Открытая база данных последовательностей белков UniProt.
3. <https://www.wwpdb.org/> - Protein Data Bank.
4. <http://www.e-library.ru> - Научная Электронная Библиотека.
5. <https://www.biblio-online.ru/> - ЭБС «ЮРАЙТ».
6. <https://e.lanbook.com/> - ЭБС «Лань».
7. <https://www.researchgate.net/> - Европейская коммерческая социальная сеть ученых.
8. <http://tusearch.blogspot.com> - Поиск книг на сайтах научных электронных библиотек.

9. <https://scholar.google.ru> - Бесплатная поисковая система по полным текстам научных публикаций всех форматов и дисциплин.

VI. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

6.1. Учебно-лабораторное оборудование:

Аудитория для проведения занятий лекционного типа: оборудована специализированной (учебной) мебелью на 25 посадочных мест; техническими средствами обучения: проектор Epson EB-X03, доска маркерная; учебно-наглядными пособиями, обеспечивающими тематические иллюстрации по дисциплине: презентации по темам программы.

Аудитория для проведения занятий практического типа: оборудована специализированной (учебной) мебелью на 10 посадочных мест; доской меловой; техническими средствами обучения: проектор BenQ MS521P учебно-наглядными пособиями: презентации по темам программы.

Компьютерный класс (учебная аудитория) для групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, организации самостоятельной работы: аудитория оборудована специализированной (учебной) мебелью на 20 посадочных мест, доской меловой; оборудована техническими средствами обучения: системный блок PentiumG850, монитор BenQ G252HDA-1 шт.; системный блок Athlon 2 X2 250, монитор BenQ G252HDA – 8 шт.; системный блок PentiumD 3.0GHz, монитор Samsung 740N – 3 шт.; моноблок IRU T2105P – 2 шт.; системный блок Pentium G3250, монитор BenQG955 – 1 шт.; системный блок Pentium G3250, монитор BenQ GL2250 – 1 шт.; системный блок Pentium G3250, монитор Samsung T200 HD – 1 шт.; системный блок Pentium G3250, монитор Samsung T190N – 1 шт.; системный блок Pentium G3250, монитор Samsung 740N – 1 шт.; проектор BenQ MX503; экран ScreenVtdiaEcot. С неограниченным доступом к сети Интернет и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду организации.

Помещение для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования: аудитория оборудована специализированной мебелью на 3 посадочных места; ноутбук Lenovo П580, проектор BenQ MS521P.

6.2. Программное обеспечение:

Kaspersky Endpoint Security для бизнеса - Стандартный Russian Edition;

Foxit PDF Reader 8.0;

LibreOffice 5.2.2.2;

Ubuntu 14.0;

АСТ-Тест Plus 4.0 (на 75 одновременных подключений) и Мастер-комплект (АСТ-Maker и АСТ-Converter).

6.3. Технические и электронные средства:

Презентации по всем темам курса.

VII. ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

Теоретическая часть программы реализуется в виде чтения лекций с использованием мультимедийных средств. Практические занятия студентов проводятся с аудио- и видеоматериалами и использованием основных баз данных и основных программных продуктов в сети Интернет. Знания закрепляются самостоятельным выполнением домашних заданий. Для освоения дисциплины «Основы геномики и протеомики» применяются следующие современные образовательные технологии:

- *информационно-коммуникационные технологии*: информационная лекция, лекция-визуализация, проблемная лекция, практические занятия. Одной из форм практических занятий является семинар.

- дистанционные образовательные технологии: видео-конференции, интернет-технология работа в ЭИОС ИГУ educa.isu.ru
- самостоятельная работа студентов (см. п.4.4).
- коллоквиумы – вид учебного занятия, проводимого с целью проверки и оценивания знаний учащихся. В ходе группового обсуждения студенты учатся высказывать свою точку зрения по определенному вопросу, защищать свое мнение, применяя знания, полученные на занятиях по предмету. В ходе коллоквиума проводится заслушивание докладов.

VIII. ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ И ПРОМЕЖУТОЧНОЙ АТТЕСТАЦИИ

Оценочные материалы для входного контроля

В качестве оценочных материалов для входного контроля уровня знаний используется список вопросов для устного опроса студентов. В процессе опроса оценивается уровень владения базовыми знаниями, умениями, навыками, необходимыми для начала обучения дисциплине «Основы геномики и протеомики» определяется степень владения новым материалом до начала его изучения.

Примеры вопросов:

1. *Какую роль играет последовательность нуклеотидов ДНК в жизнедеятельности организмов?*
2. *Какие методы используют для определения последовательности нуклеотидов ДНК?*
3. *Какую роль в жизнедеятельности организмов играют белки и РНК?*
4. *Какие методы изучения белков Вы знаете? и т. п.*

Оценочные материалы текущего контроля формируются в соответствии с ЛНА университета

В рамках дисциплины «Основы геномики и протеомики» используются следующие формы текущего контроля:

- коллоквиум;
- доклад с презентацией;
- контроль самостоятельной работы.

Фонд оценочных средств включает:

- тематика и вопросы к коллоквиумам;
- тематика и материалы заданий для самостоятельной работы;
- темы докладов,
- критерии оценки знаний и умений студентов.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенций ПК-2 и ПК-3, составляющих их частей: ПК-2.1, ПК- 2.3, ПК-3.2 (см. п. III).

Примеры тематика и заданий для текущего контроля:

1. *Смотреть видео: «Знакомство с методами выделения геномной ДНК (Genomic DNA Isolation techniques overview)»*
https://www.youtube.com/watch?v=oLnY4X8Ztv0&ab_channel=DIY-Lab
и ответить на вопрос: «Какие этапы необходимы для выделения и секвенирования ДНК какого-либо организма, какое оборудование и какие реагенты нужны?».
2. *Смотреть видео: «Подготовка ДНК библиотек для секвенатора Illumina MiSeq DNA library preparation for Illumina MiSeq p*
https://www.youtube.com/watch?v=xxzImjtRM4c&ab_channel=DIY-Lab

ответить на вопрос: «Какие три ключевых этапа имеют место во всех современных технологиях секвенирования (NGS)?»

3. Смотреть видео: «Прогулка по лаборатории» -

<https://www.youtube.com/channel/UCdOegMe5IV1QWC83akR8IsQ> и информацию на сайте <https://www.gluvelab.com/osnashhenie-mikrobiologicheskoy-laboratorii/>.

Ответить на вопросы к колоквиуму:

- Оснащение микробиологической лаборатории крупного диагностического комплекса;

- Правила технического оснащения микробиологических лабораторий;

- Правила оснащения рабочих мест и рекомендуемая одежда для сотрудников.

Доклад с презентацией – это сообщение в течение 10-15 мин, в котором студент в лаконичной форме должен изложить материал по соответствующей теме, придерживаясь следующего плана: введение, основная часть, заключение. Доклад сопровождается презентацией, отражающей основные положения по соответствующей теме, включающей наглядные материалы (схемы, таблицы, фото и т.д.). По окончании доклада студенту задают вопросы, как преподаватель, так и студенты, на которые докладчик должен дать исчерпывающие ответы. Доклад засчитывается, если студент полностью раскрыл тему, свободно владеет материалом, излагает его логично, последовательно, лаконично, соблюдая основные правила культуры речи. Презентация отражает основные положения доклада, составлена грамотно с соблюдением общих требований. При обсуждении доклада студент дает исчерпывающие, аргументированные, корректные ответы на вопросы.

Оценочные материалы для промежуточной аттестации в форме зачета.

Форма промежуточной аттестации - **зачет**. ОС этого типа должны выявлять степень освоения теоретических знаний как базу для формирования компетенций, умения их применять в ситуациях, моделирующих профессиональную деятельность, а также сформированность составляющих частей компетенций ПК-2 и ПК-3, заявленных в п. III.

Зачет выставляется по результатам самостоятельной работы студента в виде выполнения домашних заданий и выступления с докладом по одной из предложенных тем:

- Современные технологии геномики и необходимое для их реализации оборудование микробиологической лаборатории.

- Типы варибельности последовательности ДНК и использование их в качестве молекулярно-генетических маркеров.

- Полностью секвенированные геномы прокариотических организмов. Значение этих работ для биологии и медицины.

- Полностью секвенированные геномы эукариотических микроорганизмов. Значение этих работ для биологии и медицины.

- Генетический скрининг с помощью ДНК-микрочипов.

- Репортерные системы и области их применения.

- Транскриптом и методы его изучения.

- Некодирующие РНК и их функции.

- Стратегии протеомного анализа.

- Современные технологии протеомики и необходимое для их реализации оборудование микробиологической лаборатории.

- Принципы современных геномных методов идентификации микроорганизмов.

- Метагеномика, Метабаркодин.

- Докинг.
- Методы исследования взаимодействия белков протеома.

Разработчик:

доцент В. И. Чемерилова

(подпись)

Программа составлена в соответствии с требованиями ФГОС ВО по направлению подготовки 06.03.01 «Биология», профилю «Микробиология».

Программа рассмотрена на заседании кафедры микробиологии

«10» февраля 2023 г.

Протокол № 5

Зав. кафедрой



Б. Н. Огарков

Настоящая программа, не может быть воспроизведена ни в какой форме без предварительного письменного разрешения кафедры-разработчика программы