

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

СОГЛАСОВАНО

Заведующий кафедрой

Кафедра геномики и
биоинформатики

наименование кафедры

подпись, инициалы, фамилия

«___» _____ 20__ г.

институт, реализующий ОП ВО

УТВЕРЖДАЮ

Заведующий кафедрой

Кафедра геномики и
биоинформатики

наименование кафедры

д.б.н. Ямских И.Е.

подпись, инициалы, фамилия

«___» _____ 20__ г.

институт, реализующий дисциплину

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
ГЕНОМИКА

Дисциплина Б1.В.03 Геномика

Направление подготовки /
специальность 06.04.01 Биология Магистерская программа
06.04.01.06 Геномика и биоинформатика

Направленность
(профиль)

Форма обучения

очная

Год набора

2020

Красноярск 2021

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

составлена в соответствии с Федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования по укрупненной группе

060000 «БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ»

Направление подготовки /специальность (профиль/специализация)

направление 06.04.01 Биология Магистерская программа 06.04.01.06

Геномика и биоинформатика

Программу
составили

к.б.н., Профессор, Крутовский Константин
Валерьевич

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Целью изучения дисциплины является формирование у магистров знаний об организации и методах изучения геномов эукариот.

1.2 Задачи изучения дисциплины

В задачи курса входит:

- знакомство с методами секвенирования полных геномов,
- выяснение функций генов на основе компьютерных программ,
- знакомство с методами сравнительного анализа геномов разных организмов,
- изучение организации и содержания генетической информации, закодированной в геноме данного организма,
- расшифровка функции генов в геноме и особенностей их экспрессии,
- сравнительное исследование организации геномов разных организмов.

1.3 Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю), соотнесенных с планируемыми результатами освоения образовательной программы

ОПК-4: способностью самостоятельно анализировать имеющуюся информацию, выявлять фундаментальные проблемы, ставить задачу и выполнять полевые, лабораторные биологические исследования при решении конкретных задач с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работ и научную достоверность результатов

ПК-1: способностью творчески использовать в научной и производственно-технологической деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность (профиль) программы магистратуры

ПК-3: способностью применять методические основы проектирования, выполнения полевых и лабораторных биологических, экологических исследований, использовать современную аппаратуру и вычислительные комплексы (в соответствии с направленностью (профилем) программы магистратуры)

1.4 Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы

«Геномика» является обязательной дисциплиной и входит в

вариативную часть ФГОС ВО направления 06.04.01 Биология, профиля 06.04.01.06 Геномика и биоинформатика. «Геномика» – интегральная научная дисциплина, изучающая гены и их функции в их полной совокупности и взаимодействии с помощью новейших методов молекулярной биологии и генетики, биоинформатики, высокопроизводительного секвенирования ДНК и РНК, анализа экспрессии генов, изучения их полногеномной изменчивости и связи с фенотипической изменчивостью. Результаты изучения дисциплины «Геномика» используются при изучении дисциплин вариативной части, дисциплин по выбору, при выполнении НИР и при подготовке магистерской диссертации. Курс носит междисциплинарный характер и состоит из лекционного материала и семинарских занятий. Реализуется во 2 семестре.

Научно-исследовательский семинар
Основы биоинформатики
Избранные главы молекулярной генетики
Теория отбора

Научно-исследовательская работа
Практика по профилю профессиональной деятельности
Биоинженерия
Генетика человека
Иммуногенетика
Протеомика
Статистика в биоинформатике
Филогенетика
Языки программирования для биоинформатиков
Практика по направлению профессиональной деятельности
Преддипломная практика
Научно - исследовательская работа
Практика по получению первичных профессиональных умений и

навыков

Научно - исследовательская работа
Практика по получению профессиональных умений и опыта профессиональной деятельности

1.5 Особенности реализации дисциплины
Язык реализации дисциплины Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется с применением ЭО и ДОТ
<https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=12487>

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	Семестр
		2
Общая трудоемкость дисциплины	3 (108)	3 (108)
Контактная работа с преподавателем:	0,83 (30)	0,83 (30)
занятия лекционного типа	0,42 (15)	0,42 (15)
занятия семинарского типа		
в том числе: семинары		
практические занятия	0,42 (15)	0,42 (15)
практикумы		
лабораторные работы		
другие виды контактной работы		
в том числе: групповые консультации		
индивидуальные консультации		
иная внеаудиторная контактная работа:		
групповые занятия		
индивидуальные занятия		
Самостоятельная работа обучающихся:	1,17 (42)	1,17 (42)
изучение теоретического курса (ТО)		
расчетно-графические задания, задачи (РГЗ)		
реферат, эссе (Р)		
курсовое проектирование (КП)	Нет	Нет
курсовая работа (КР)	Нет	Нет
Промежуточная аттестация (Экзамен)	1 (36)	1 (36)

3 Содержание дисциплины (модуля)

3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

№ п/п	Модули, темы (разделы) дисциплины	Занятия лекционного типа (акад. час)	Занятия семинарского типа		Самостоятельная работа, (акад. час)	Формируемые компетенции
			Семинары и/или Практические занятия (акад. час)	Лабораторные работы и/или Практикумы (акад. час)		
1	2	3	4	5	6	7
1		15	0	0	0	
2		0	15	0	0	
3		0	0	0	42	
Всего		15	15	0	42	

3.2 Занятия лекционного типа

№ п/п	№ раздела дисциплины	Наименование занятий	Объем в акад. часах		
			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме
1	1	Введение в геномику. Геномика, транскриптомика, протеомика. Содержание и организация геномной информации. Программа "Геном человека".	2	0	0
2	1	Технология секвенирования ДНК. Полногеномное de novo секвенирование, ресеквенирование, целевое и метагеномное секвенирование.	2	0	0

3	1	Программа поиска гомологий – BLAST. Формат Genbank и аннотирование нуклеотидной последовательности, множественное выравнивание последовательностей (Bio Edit).	2	0	0
4	1	Популяционная геномика. Секвенирование и генотипирование однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs). Тесты на нейтральность (DNASP), FST-значения (LOSITAN).	2	0	0
5	1	Полногеномное ассоциативное картирование (TASSEL). Компоненты полногеномного ассоциативного картирования. Технология полногеномного ассоциативного картирования.	2	0	0
6	1	Практические приложения геномики: филогеномика, экогеномика, природоохранная геномика, метагеномика и др	3	0	0
7	1	Геномная селекция	2	0	0
Всего			15	0	0

3.3 Занятия семинарского типа

№ п/п	№ раздела дисциплины	Наименование занятий	Объем в acad. часах		
			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме

1	2	Технология секвенирования ДНК. Полногеномное de novo секвенирование, ресеквенирование, целевое и метагеномное секвенирование.	4	0	0
2	2	Программа поиска гомологий – BLAST. Формат Genbank и аннотирование нуклеотидной последовательности, множественное выравнивание последовательностей (Bio Edit).	4	0	0
3	2	Популяционная геномика. Секвенирование и генотипирование однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs).	4	0	0
4	2	Практические приложения геномики: филогеномика, экогеномика, природоохранная геномика, метагеномика.	3	0	0
Всего			15	0	0

3.4 Лабораторные занятия

№ п/п	№ раздела дисциплины	Наименование занятий	Объем в акад. часах		
			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме
Всего					

4 Перечень учебно-методического обеспечения для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю)

	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
Л1.1	Рыбчин В. Н.	Основы генетической инженерии: учебное пособие для биологических специальностей вузов	Минск: Вышэйшая школа, 1986

Л1.2	Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К.	Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2009
Л1.3	Сетков Н. А.	Молекулярная биология клетки: учеб.- метод. пособие для самостоят. работы для студентов спец. 010708.65 «Биохимическая физика»	Красноярск: СФУ, 2012

5 Фонд оценочных средств для проведения промежуточной аттестации

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

6 Перечень основной и дополнительной учебной литературы, необходимой для освоения дисциплины (модуля)

6.1. Основная литература			
	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
Л1.1	Кузнецов Вл. В., Кузнецов В. В., Романов Г. А.	Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2012
Л1.2	Попов В. В.	Геномика с молекулярно-генетическими основами	Москва: URSS, 2014
6.2. Дополнительная литература			
	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
Л2.1	Примроуз С., Тваймен Р., Свердлов Е. Д., Лимборская С. А.	Геномика: роль в медицине: перевод с английского	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2008
Л2.2	Пирузян Э. С., Бутенко Р. Г.	Основы генетической инженерии растений: монография	Москва: Наука, 1988
Л2.3	Глик Б., Пастернак Д., Янковский Н. К.	Молекулярная биотехнология: принципы и применение: перевод с английского	Москва: Мир, 2002
Л2.4	Инге-Вечтомов С. Г.	Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов	Санкт- Петербург: Изд- во Н-Л, 2010
Л2.5	Браун Т. А., Светлов А. А., Миронов А. А.	Геномы	Москва: Институт компьютерных исследований, 2011
6.3. Методические разработки			

	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
ЛЗ.1	Рыбчин В. Н.	Основы генетической инженерии: учебное пособие для биологических специальностей вузов	Минск: Вышэйшая школа, 1986
ЛЗ.2	Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К.	Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.	Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2009
ЛЗ.3	Сетков Н. А.	Молекулярная биология клетки: учеб.- метод. пособие для самостоят. работы для студентов спец. 010708.65 «Биохимическая физика»	Красноярск: СФУ, 2012

7 Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины (модуля)

Э1	Антиплагиат. ВУЗ [Электронный ресурс]	http://sfukras.antiplagiat.ru http://bik.sfu-kras.ru/nb/antiplagiat-vuz
Э2	POLPRED.COM Обзор СМИ [Электронный ресурс]	http://www.polpred.com
Э3	ИАС «Статистика» [Электронный ресурс]	http://www.ias-stat.ru и http://bik.sfu-kras.ru/nb/ias-statistika
Э4	Государственный архив Красноярского края (ГАКК) [Электронный ресурс]	http://красноярские-архивы.рф
Э5	Ист Вью (EastView) [Электронный ресурс]	http://www.ebiblioteka.ru
Э6	Научная электронная библиотека (eLIBRARY.RU) [Электронный ресурс]	http://elibrary.ru
Э7	Президентская библиотека им. Б.Н. Ельцина [Электронный ресурс]	http://www.prlib.ru .
Э8	Университетская информационная система РОССИЯ (УИС РОССИЯ) [Электронный ресурс]	http://uisrussia.msu.ru
Э9	Электронная библиотека диссертаций (ЭБД) РГБ: [Электронный ресурс]	http://dvs.rsl.ru
Э10	Электронная библиотека РГУ нефти и газа им. И.М. Губкина [Электронный ресурс]	http://bik.sfu-kras.ru/nb/elektronnaya-biblioteka-rgu-nefti-i-gaza-im-im-gubkina
Э11	Электронно-библиотечная база данных «Электронная библиотека технического ВУЗа» [Электронный ресурс]	http://www.studentlibrary.ru
Э12	Электронно-библиотечная система «ИНФРА-М». [Электронный ресурс]	http://www.znaniyum.com
Э13	Электронно-библиотечная система «Национальный цифровой ресурс «Рукопт» [Электронный ресурс]	http://bik.sfu-kras.ru/nb/elektronno-bibliotechnaya-sistema-nacionalnyy-cifrovoy-resurs-rukont
Э14	Электронно-библиотечная система «Лань» [Электронный ресурс]	http://e.lanbook.com

Э15	Электронно-библиотечная система «iBooks.ru» [Электронный ресурс]	http://bik.sfu-kras.ru/nb/ibooksru
Э16	American Physical Society [Электронный ресурс]	http://publish.aps.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/american-physical-society
Э17	Annual Reviews Science Collection [Электронный ресурс]	http://www.annualreviews.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/annual-reviews-science-collection
Э18	arXiv [Электронный ресурс]	http://arxiv.org .
Э19	Cambridge University Press [Электронный ресурс]	http://www.journals.cambridge.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/cambridge-university-press
Э20	DOAJ [Электронный ресурс]	http://www.doaj.org DRF (JAIRO): http://drf.lib.hokudai.ac.jp
Э21	DRF (JAIRO) [Электронный ресурс]	http://drf.lib.hokudai.ac.jp
Э22	EBSCO Publishing [Электронный ресурс]	http://search.ebscohost.com
Э23	Elsevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]	http://sciencedirect.com
Э24	EMS Journal. [Электронный ресурс]	http://www.memsjournal.com
Э25	Euromonitor International [Электронный ресурс]	http://www.portal.euromonitor.com
Э26	Institute of Physics [Электронный ресурс]	http://www.iop.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/institute-physics-iop
Э27	Journal Citation Reports (JCR) [Электронный ресурс]	http://isiknowledge.com
Э28	MEMS Journal [Электронный ресурс]	http://www.memsjournal.com
Э29	Nature [Электронный ресурс]	http://www.nature.com
Э30	Oxford Journals [Электронный ресурс]	http://www.oxfordjournals.org
Э31	Oxford Russia Fund eContent library [Электронный ресурс]	http://lib.myilibrary.com http://bik.sfu-kras.ru/nb/oxford-russia-fund-econtent-library
Э32	ProQuest [Электронный ресурс]	http://search.proquest.com
Э33	Royal Society of Chemistry (журналы открытого доступа). [Электронный ресурс]	http://www.rsc.org
Э34	Science и Science Translational Medicine [Электронный ресурс]	http://www.sciencemag.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/science-i-science-translational-medicine
Э35	Science/AAAS [Электронный ресурс]	http://www.sciencemag.org http://bik.sfu-kras.ru/nb/scienceaaas
Э36	Scirus [Электронный ресурс]	http://www.scirus.com
Э37	Scopus [Электронный ресурс]	http://www.scopus.com http://bik.sfu-kras.ru/nb/scopus
Э38	Sevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]	http://sciencedirect.com
Э39	Springer [Электронный ресурс]	http://www.springerlink.com

Э40	Taylor&Francis [Электронный ресурс]	http://www.tandfonline.com
Э41	Web of Science [Электронный ресурс]	http://isiknowledge.com
Э42	Wiley (Blackwell) [Электронный ресурс]	http://www.blackwell-synergy.com
Э43	Центр Исследования Генома (Genomics Resource Centre) [Электронный ресурс]	http://www.rockefeller.edu/genomics

8 Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

Самостоятельная работа студента по дисциплине «Геномика» предусматривает изучение теоретического материала с использованием основной и дополнительной литературы – 1,2 з.е. (42 часа).

Самостоятельное изучение теоретического материала предполагает работу с учебной литературой, научными монографиями, оригинальными научными статьями, диссертациями. Итогом работы является презентация.

На самостоятельное изучение выносятся вопросы в соответствии с тематикой лекций. Организация самостоятельной работы производится в соответствии с графиком учебного процесса и самостоятельной работы.

9 Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю) (при необходимости)

9.1 Перечень необходимого программного обеспечения

9.1.1	Работа осуществляется при помощи широкого спектра лицензионных программных продуктов, закупленных по программе развития СФУ: Microsoft Office, Adobe Photoshop, CorelDRAW, Adobe Illustrator и др., а так же современных информационных технологий (электронные базы данных, Internet).
-------	---

9.2 Перечень необходимых информационных справочных систем

9.2.1	Одной из крупнейших информационных систем в области биологии медицины, биофизики является Национальный центр биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information (NCBI), США (www.NCBI.nlm.nih.gov). БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом.
9.2.2	Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.

9.2.3	БД Nucleotide (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=nucleotide) объединяет данные последовательностей нуклеиновых кислот из нескольких исходных БД, в том числе GenBank, RefSeq и др. Данные могут быть найдены по регистрационному номеру, имени автора, наименованию организма, генома/белка, а также ряду других параметров.
9.2.4	БД Protein (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из GenBank, RefSeq и TPA, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
9.2.5	БД Structure (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.
9.2.6	БД Gene (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. Gene-ID.
9.2.7	БД dbMHC (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные MajorHistocompatibilityComplex (МНС) для человека. БД dbMHC полностью интегрирована с другими ресурсами NCBI, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (IHWG).
9.2.8	DbSNP (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/SNP/) – БД одиночных нуклеотидных полиморфизмов, полиморфных повторяющихся элементов, включающая как гибридные данные, так и полученные только экспериментальным путем.
9.2.9	БД ReferenceSequence (RefSeq) (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геномной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.
9.2.1 0	БД Genomic Biology представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для Fruitfly, Human, Malariaparasite, Mouse, Rat, Retroviruses, Zebrafish и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.
9.2.1 1	В БД UniGene (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.
9.2.1 2	HomoloGene (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/homologene) – инструмент для автоматизированного выявления гомологов среди аннотированных генов, который сравнивает нуклеотидные последовательности между парами организмов в целях выявления предполагаемых ортологов.
9.2.1 3	Basic Local Alignment Search Tool (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.

9.2.1 4	Public repository Gene Expression Omnibus (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»
9.2.1 5	GenBank (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. GenBank автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.
9.2.1 6	Для представления последовательностей в GenBank предложено два инструмента:
9.2.1 7	• BankIt – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
9.2.1 8	• Sequin – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.
9.2.1 9	Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в NCBI является поисковая система Search NCBI databases (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery). Она обеспечивает одновременный доступ как к нуклеотидным и белковым последовательностям (GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (PubMed, PubMed Central и т. д.). Доступ к поисковой системе Search NCBI databases может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/) либо посредством использования стартовой страницы NCBI (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД NCBI и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.
9.2.2 0	Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в NCBI (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html) и т. д., является сервис «My NCBI» (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/My_NCBI/). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты по электронной почте. Пользователи «My NCBI» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в NCBI, и управлять политикой общественного доступа.

10 Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Аудиторный класс, наличие проектора для демонстрации наглядных пособий и экрана. Компьютерный класс, лицензионное программное обеспечение, Internet.