

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
ПРОТЕОМИКА**

Дисциплина Б1.В.ДВ.03.02 Протеомика

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

д.б.н., Катанаев Владимир Леонидович

1 Цели и задачи изучения дисциплины

1.1 Цель преподавания дисциплины

Целью изучения дисциплины «Протеомика» является формирование у студентов целостного понимания процессов формирования и эволюции протеомов.

1.2 Задачи изучения дисциплины

Задачи изучения дисциплины заключаются в обеспечении понимания универсальных принципов построения и функционирования протеомов, овладении современными методами протеомики в исследовании живых организмов и применение их в теории и на практике; развитии способности к творчеству, в том числе к научно-исследовательской работе.

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

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

«Протеомика» является дисциплиной по выбору и входит в вариативную часть ФГОС ВО направления 06.04.01 Биология, профиля 06.04.01.06 Геномика и биоинформатика. «Протеомика» – интегральная научная дисциплина, опирающаяся на знания, полученные при изучении биохимии, молекулярной биологии, генетики. Курс носит междисциплинарный характер и состоит из лекционного материала и семинарских занятий. Реализуется в 3 семестре.

Геномика

Научно-исследовательский семинар

Основы биоинформатики

Спецпрактикум

"Методы

молекулярно-генетических

исследований"

Избранные главы молекулярной генетики

Молекулярная экология

Научно - исследовательская работа

Научно-исследовательская практика по получению профессиональных умений и опыта профессиональной деятельности

Преддипломная практика

Научно-исследовательская работа

Практика по направлению профессиональной деятельности

Преддипломная практика

Научно - исследовательская работа

Практика по получению профессиональных умений и опыта профессиональной деятельности

1.5 Особенности реализации дисциплины

Язык реализации дисциплины Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется без применения ЭО и ДОТ.

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	Семестр
		3
Общая трудоемкость дисциплины	3 (108)	3 (108)
Контактная работа с преподавателем:	0,89 (32)	0,89 (32)
занятия лекционного типа	0,22 (8)	0,22 (8)
занятия семинарского типа		
в том числе: семинары		
практические занятия	0,67 (24)	0,67 (24)
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:	2,11 (76)	2,11 (76)
изучение теоретического курса (ТО)		
расчетно-графические задания, задачи (РГЗ)		
реферат, эссе (Р)		
курсовое проектирование (КП)	Нет	Нет
курсовая работа (КР)	Нет	Нет
Промежуточная аттестация (Зачёт)		

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		8	0	0	0	
2		0	24	0	0	
3		0	0	0	76	
Всего		8	24	0	76	

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	Тема 1. Введение в протеомику Протеомика как наука, ее место среди других наук. Белки, их функции и взаимодействие в живых организмах.	1	0	0

2	1	<p>Тема 2. Структурная и функциональная протеомика. Выделение, очистка, определение первичной, вторичной и третичной структур белков живого организма. Функциональные свойства протеома. Динамичность протеома и пути ее формирования. Продолжительность жизни белков в клетках.</p>	1	0	0
3	1	<p>Тема 3. Характеристика транскриптома. Транскрипция регулируемых и нерегулируемых генов. Отличия пре- и мРНК эукариотических организмов. Разнообразие мРНК в клетке, их качественные и количественные отличия.</p>	1	0	0

4	1	<p>Тема 4. Принципы и методы анализа протеома. Методология протеомного анализа Электрофоретические методы в протеомных исследованиях Роль высокоэффективной жидкостной хроматографии (ВЭЖХ) в протеомных исследованиях. Масс-спектрометрический анализ в геномике и протеомике. Методы гибридизации РНК и белков. Практическое использование методов гибридизации для идентификации белков.</p>	1	0	0
5	1	<p>Тема 5. Биоинформационные базы данных по протеомике. Методы сравнения полипептидных последовательностей.</p>	2	0	0
6	1	<p>Тема 6. Практическое значение протеомики. Использование в систематике, фармакологии и медицине. Сравнение протеомов различных клеток в норме и при патологиях. Поиск белковых маркеров для диагностики и терапии заболеваний.</p>	2	0	0
Итого			5	0	0

3.3 Занятия семинарского типа

			Объем в акад. часах		
--	--	--	---------------------	--	--

			Всего	в том числе, в инновационной форме	в том числе, в электронной форме
1	2	Введение в протеомику, Центральная догма молекулярной биологии. Протемика как методология.	5	0	0
2	2	Стратегии разделения белков. Разделение белков в электрическом поле. Полиакриламидный гель-электрофорез в присутствии додецилсульфата натрия, изоэлектрическое фокусирование.	5	0	0
3	2	Стратегии идентификации белков. Жидкостная хроматография tandem масс-спектрометрия.	5	0	0
4	2	Количественная протеомика. Электрофорез и масс-спектрометрия с флуоресцентными метками. ICAT, ферментно стабильные изотопы, изобарическое мечение белков.	4	0	0
5	2	Количественная протеомика. Электрофорез и масс-спектрометрия с флуоресцентными метками. ICAT, ферментно стабильные изотопы, изобарическое мечение белков.	5	0	0
Всего			24	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					

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	Спирин А. С.	Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка: учебник для студ. вузов по напр. "Биология" и биологическим специальностям	Москва: Академия, 2013
Л1.2	Попов В. В.	Геномика с молекулярно-генетическими основами	Москва: URSS, 2014
Л1.3	Кребс Д., Голдштейн Э., Килпатрик С.	Гены по Льюину: научное издание	Москва: Издательство "Лаборатория знаний", 2017
Л1.4	Нельсон Д., Кокс М.	Основы биохимии Ленинджера: Т. 2. Биоэнергетика и метаболизм	Москва: Издательство "Лаборатория знаний", 2017
Л1.5	Нельсон Д., Кокс М.	Основы биохимии Ленинджера: Т. 1. Основы биохимии, строение и катализ	Москва: Издательство "Лаборатория знаний", 2017
Л1.6	Нельсон Д., Кокс М.	Основы биохимии Ленинджера: Т. 3. Пути передачи информации	Москва: Издательство "Лаборатория знаний", 2017
6.2. Дополнительная литература			
	Авторы, составители	Заглавие	Издательство, год
Л2.1	Нолтинг Б., Хромов-Борисов Н. Н.	Новейшие методы исследования биосистем: монография	Москва: Техносфера, 2005
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	Рыбчин В. Н.	Основы генетической инженерии: учебное пособие для биологических специальностей вузов	Минск: Вышэйшая школа, 1986

Л2.5	Инге-Вечтомов С. Г.	Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов	Санкт-Петербург: Изд-во Н-Л, 2010
Л2.6	Никольский В. И.	Генетика: учеб. пособие для вузов по спец. "Биология"	Москва: Академия, 2010
Л2.7	Браун Т. А., Светлов А. А., Миронов А. А.	Геномы	Москва: Институт компьютерных исследований, 2011

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.znaniium.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

	ресурс]	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

	ресурс]	
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 «Протеомика» предусматривает изучение теоретического материала с использованием основной и дополнительной литературы – 2,1 з.е. (76 часов).

Самостоятельное изучение теоретического материала предполагает работу с учебной литературой, научными монографиями, оригинальными научными статьями, диссертациями, базами данных. 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.

Учебно-методическое обеспечение дисциплины размещено на сайте СФУ. Режим доступа: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=14324>

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, а также 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, геной 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.