

Министерство науки и высшего образования РФ  
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение  
высшего образования  
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)**

Б1.В.02 Геномика

---

наименование дисциплины (модуля) в соответствии с учебным планом

Направление подготовки / специальность

06.04.01 Биология

---

Направленность (профиль)

06.04.01.06 Геномика и биоинформатика

---

Форма обучения

очная

---

Год набора

2021

---

Красноярск 2022

## **РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)**

Программу составили \_\_\_\_\_

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

\_\_\_\_\_  
должность, инициалы, фамилия

## 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

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Запланированные результаты обучения по дисциплине
<b>ПК-3: Способен выполнять работы, связанные с исследованием и анализом генома и протеома живых организмов в т. ч. в областях здравоохранения, лесного хозяйства и охраны природы.</b>	
ПК-3.1: Умеет: - в полном объеме планировать и реализовывать проведение лабораторных молекулярно-генетических исследований живых организмов; - планировать и реализовывать проведение работ с биоинформационными ресурсами.	

<p>ПК-3.2: Владеет:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- современными методами обработки и интерпретации генетической информации при проведении научных исследований;</li> <li>- методами обработки данных геномного секвенирования, полученных с разных платформ; способностью</li> </ul>	
<p>извлекать необходимые данные из банков генетических данных;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знаниями для обработки полученных результатов, анализа и осмысливания их с учетом имеющихся литературных данных.</li> </ul>	
<p>ПК-3.3: Способен:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- использовать знания геномики и биоинформатики для объяснения важнейших биохимических процессов, протекающих в живых организмах, как в норме, так и при возникновении патологий;</li> <li>- ориентироваться в вопросах, связанных с анализом нуклеиновых кислот и белков;</li> </ul>	

#### **1.4 Особенности реализации дисциплины**

Язык реализации дисциплины: Русский.

Дисциплина (модуль) реализуется с применением ЭО и ДОТ

URL-адрес и название электронного обучающего курса: <https://e.sfu-kras.ru/course/view.php?id=12487>.

## 2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	е
		1
<b>Контактная работа с преподавателем:</b>	<b>0,83 (30)</b>	
занятия лекционного типа	0,42 (15)	
практические занятия	0,42 (15)	
<b>Самостоятельная работа обучающихся:</b>	<b>1,17 (42)</b>	
курсовое проектирование (КП)	Нет	
курсовая работа (КР)	Нет	
<b>Промежуточная аттестация (Экзамен)</b>	<b>1 (36)</b>	

### 3 Содержание дисциплины (модуля)

#### 3.1 Разделы дисциплины и виды занятий (тематический план занятий)

		Контактная работа, ак. час.							
№ п/п	Модули, темы (разделы) дисциплины	Занятия лекционного типа		Занятия семинарского типа				Самостоятельная работа, ак. час.	
				Семинары и/или Практические занятия		Лабораторные работы и/или Практикумы			
		Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС	Всего	В том числе в ЭИОС
<b>1.</b>									
	1. Введение в геномику. Геномика, транскриптомика, протеомика. Содержание и организация геномной информации. Программа "Геном человека".	2							
	2. Технология секвенирования ДНК. Полногеномное de novo секвенирование, ресеквенирование, целевое и метагеномное секвенирование.	2							
	3. Программа поиска гомологий – BLAST. Формат Genbank и аннотирование нуклеотидной последовательности, множественное выравнивание последовательностей (Bio Edit).	2							

4. Популяционная геномика. Секвенирование и генотипирование однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs). Тесты на нейтральность (DNASP), FST-значения (LOSITAN).	2							
5. Полногеномное ассоциативное картирование (TASSEL). Компоненты полногеномного ассоциативного картирования. Технология полногеномного ассоциативного картирования.	2							
6. Практические приложения геномики: филогеномика, экогеномика, природоохранная геномика, метагеномика и др	3							
7. Геномная селекция	2							
<b>2.</b>								
1. Технология секвенирования ДНК. Полногеномное de novo секвенирование, ресеквенирование, целевое и метагеномное секвенирование.			4					
2. Программа поиска гомологий – BLAST. Формат Genbank и аннотирование нуклеотидной последовательности, множественное выравнивание последовательностей (Bio Edit).			4					
3. Популяционная геномика. Секвенирование и генотипирование однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs).			4					
4. Практические приложения геномики: филогеномика, экогеномика, природоохранная геномика, метагеномика.			3					
<b>3.</b>								
1. Введение в геномику							2	

2. Технология секвенирования ДНК.							6	
3. Программа поиска гомологий – BLAST.							6	
4. Популяционная геномика							6	
5. Полногеномное ассоциативное картирование (TASSEL).							6	
6. Практические приложения геномики							8	
7. Геномная селекция							8	
Всего	15		15				42	

## **4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины**

### **4.1 Печатные и электронные издания:**

1. Кузнецов Вл. В., Кузнецов В. В., Романов Г. А. Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).
2. Попов В. В. Геномика с молекулярно-генетическими основами(Москва: URSS).
3. Примроуз С., Тваймен Р., Свердлов Е. Д., Лимборская С. А. Геномика: роль в медицине: перевод с английского(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).
4. Пирузян Э. С., Бутенко Р. Г. Основы генетической инженерии растений: монография(Москва: Наука).
5. Глик Б., Пастернак Д., Янковский Н. К. Молекулярная биотехнология: принципы и применение: перевод с английского(Москва: Мир).
6. Инге-Вечтомов С. Г. Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов(Санкт-Петербург: Изд-во Н-Л).
7. Браун Т. А., Светлов А. А., Миронов А. А. Геномы(Москва: Институт компьютерных исследований).
8. Рыбчин В. Н. Основы генетической инженерии: учебное пособие для биологических специальностей вузов(Минск: Вышэйшая школа).
9. Леск А., Миронов А. А., Швядас В. К. Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ.(Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний).
10. Сетков Н. А. Молекулярная биология клетки: учеб.-метод. пособие для самостоят. работы для студентов спец. 010708.65 «Биохимическая физика»(Красноярск: СФУ).

### **4.2 Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства (программное обеспечение, на которое университет имеет лицензию, а также свободно распространяемое программное обеспечение):**

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).

### **4.3 Интернет-ресурсы, включая профессиональные базы данных и информационные справочные системы:**

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](http://www.NCBI.nlm.nih.gov)). БД NCBI являются достаточно сложным инструментарием с разнообразным функционалом.
2. Ниже приведено краткое описание основных БД NCBI, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.

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.
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 ТРА, а также SwissProt, PIR, PRF и PDB.
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.
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.
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).
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. 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, генной 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.
10. 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.

11. 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.
12. 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.
13. Basic Local Alignment Search Tool (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/>) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.
14. Public repository Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»
15. 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.
16. Для представления последовательностей в GenBank предложено два инструмента:
  17. • BankIt – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
  18. • Sequin – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.
19. 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.

20. 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/MyNCBI/>). 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.

### **5 Фонд оценочных средств**

Оценочные средства находятся в приложении к рабочим программам дисциплин.

### **6 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.