

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

Б1.В.ДВ.03.02 Протеомика

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

2022

Красноярск 2023

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

Программу составили _____

д.б.н., Катанаев В.Л.

должность, инициалы, фамилия

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

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

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=14324>.

2. Объем дисциплины (модуля)

Вид учебной работы	Всего, зачетных единиц (акад.час)	е
		1
Контактная работа с преподавателем:	0,89 (32)	
занятия лекционного типа	0,22 (8)	
практические занятия	0,67 (24)	
Самостоятельная работа обучающихся:	2,11 (76)	
курсовое проектирование (КП)	Нет	
курсовая работа (КР)	Нет	

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
1.									
	1. Тема 1. Введение в протеомику Протеомика как наука, ее место среди других наук. Белки, их функции и взаимодействие в живых организмах.	1							
	2. 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.	1							
	3. Тема 3. Характеристика транскриптома. Транскрипция регулируемых и нерегулируемых генов. Отличия пре- и мРНК эукариотических организмов. Разнообразие мРНК в клетке, их качественные и количественные отличия.	1							

4. 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.	1								
5. Тема 5. Биоинформационные базы данных по протеомике. Методы сравнения полипептидных последовательностей.	2								
6. 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.	2								
2.									
1. Введение в протеомику, Центральная догма молекулярной биологии. Протемика как методология.			5						
2. Стратегии разделения белков. Разделение белков в электрическом поле. Полиакриламидный гель-электрофорез в присутствии додецилсульфата натрия, изоэлектрическое фокусирование.			5						
3. Стратегии идентификации белков. Жидкостная хроматография тандем масс-спектрометрии.			5						

4. Количественная протеомика. Электрофорез и масс-спектрометрия с флуоресцентными метками. ICAT, ферментно стабильные изотопы, изобарическое мечение белков.			4					
5. Количественная протеомика. Электрофорез и масс-спектрометрия с флуоресцентными метками. ICAT, ферментно стабильные изотопы, изобарическое мечение белков.			5					
3.								
1. Введение в протеомику							12	
2. Стратегии разделения белков.							12	
3. Стратегии идентификации белков.							13	
4. Стратегии количественного определения белков.							13	
5. Интерактомика – протеомика взаимодействий.							13	
6. Модификации белков в протеомике.							13	
Всего	8		24				76	

4 Учебно-методическое обеспечение дисциплины

4.1 Печатные и электронные издания:

1. Спирин А. С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка: учебник для студ. вузов по напр. "Биология" и биологическим специальностям(Москва: Академия).
2. Попов В. В. Геномика с молекулярно-генетическими основами(Москва: URSS).
3. Кребс Д., Голдштейн Э., Килпатрик С. Гены по Льюину: научное издание(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
4. Нельсон Д., Кокс М. Основы биохимии Ленинджера: Т. 2. Биоэнергетика и метаболизм(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
5. Нельсон Д., Кокс М. Основы биохимии Ленинджера: Т. 1. Основы биохимии, строение и катализ(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
6. Нельсон Д., Кокс М. Основы биохимии Ленинджера: Т. 3. Пути передачи информации(Москва: Издательство "Лаборатория знаний").
7. Нолтинг Б., Хромов-Борисов Н. Н. Новейшие методы исследования биосистем: монография(Москва: Техносфера).
8. Пирузян Э. С., Бутенко Р. Г. Основы генетической инженерии растений: монография(Москва: Наука).
9. Глик Б., Пастернак Д., Янковский Н. К. Молекулярная биотехнология: принципы и применение: перевод с английского(Москва: Мир).
10. Рыбчин В. Н. Основы генетической инженерии: учебное пособие для биологических специальностей вузов(Минск: Вышэйшая школа).
11. Инге-Вечтомов С. Г. Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов(Санкт-Петербург: Изд-во Н-Л).
12. Никольский В. И. Генетика: учеб. пособие для вузов по спец. "Биология"(Москва: Академия).
13. Браун Т. А., Светлов А. А., Миронов А. А. Геномы(Москва: Институт компьютерных исследований).

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, а также 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). 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 TPA, 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 (MHC) 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, 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.

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.