

**Тематический план занятий семинарского типа
по дисциплине «Современные проблемы геномики и протеомики»
для обучающихся по образовательной программе
направления подготовки «Биология», профиль Генетика
(уровень бакалавриата)
Форма обучения очная
на 2023-2024 учебный год**

№	Тематические блоки	Часы (академ.)
1.	Технология рекомбинантных ДНК. ¹ Векторы для клонирования больших фрагментов ДНК. Выделение и фрагментация ДНК. Подготовка фрагментов ДНК для клонирования. ²	2
2.	Технология рекомбинантных ДНК. ¹ Векторы для клонирования больших фрагментов ДНК. Выделение и фрагментация ДНК. Подготовка фрагментов ДНК для клонирования. ²	2
3.	Определение нуклеотидной последовательности ДНК. ¹ Подготовка продуктов амплификации для постановки реакции циклического секвенирования. Вырезание специфических бэндов из агарозного геля. Очистка продукта при помощи ExoI/SAP, определение концентрации рабочей матрицы. ²	2
4.	Определение нуклеотидной последовательности ДНК. ¹ Анализ данных, полученных в результате автоматизированного секвенирования по Сэнгеру. Выравнивание и множественное выравнивание. Работа с программным обеспечением для хранения и обработки биологических последовательностей. ²	2
5.	Анализ данных массового параллельного секвенирования. ¹ Работа с ассемблерами. Сборка бактериального генома на референс и <i>de novo</i> . Аннотация бактериального генома <i>in silico</i> . ²	2
6.	Основные методы фракционирования белков в протеомике. ¹ Общие нехроматографические методы разделения белков: проточная цитометрия, субклеточное фракционирование, преципитация, аналитический двумерный электрофорез (2DPAGE). Принцип фракционирования 2DPAGE. ²	2
7.	Основные методы фракционирования белков в протеомике. Матрицы для разделения белков и пептидов. Анализ протеомной карты. Качественный и количественный виды протеомного анализа в методе 2DPAGE. Недостатки и ограничения 2DPAGE в протеомных исследованиях.	1
8.	Проект «Геном Человека». ¹ Основные принципы геномики Роль проекта «Геном человека» в становлении и развитии геномных и протеомных исследований. Цели, задачи и основные направления проекта «Геном человека». Особенности организации проекта, его управления и финансирования. Вклад русской школы молекулярной биологии в осуществление проекта. Продукт первого этапа реализации проекта «Геном	2

	человека». ²	
9.	<p>Определение первичной структуры ДНК.¹ Химический метод. Принцип секвенирования нуклеиновых кислот с помощью метода Максама–Гилберта. Особенности секвенирования ДНК по Сенгеру. Метод полимеразного копирования. Цепная полимеразная реакция (ПЦР), ее механизм, последовательность событий и прикладное значение. Анализ больших последовательностей. Секвенирование клеточных геномов.²</p>	2
10.	<p>Анализ экспрессии гена. Часть 1.¹ Нозерн-блот гибридизация и гибридизация in situ. Анализ локализации белка. Значение иммунохимического анализа in situ и вестерн-блоттинга. Анализ белковых взаимодействий. Изменение активности гена или активности продукта. Методы исследования потери функции гена (случайный мутагенез, подавление генной экспрессии с использованием антисмысловой РНК, рибозимов, РНК-интерференции, подавление активности белка с помощью антител).</p> <p>Исследование приобретения функции генов по данным суперэкспрессии/эктопической экспрессии.²</p>	2
11.	<p>Становление постгеномного периода развития молекулярной биомедицины и биотехнологии.¹ Перспективы и проблемы функциональной геномики. Стратегические задачи исследования программы «Функциональная геномика». Метабомика: определение, цели, достижения и проблемы. Теоретические исследования закономерностей метаболизма. Понятие метаболических карт, метаболических потоков, сетей метаболических потоков. Базы данных по метаболической систематике. Понятие транскриптомики: объекты, методология и основные разделы. Фундаментальные и прикладные цели и задачи транскриптомики. Прикладное значение достижений транскриптомики для развития биоаналитических технологий в биомедицине и фармакологии. Молекулярные подходы геномной дактилоскопии и фармакогеномики.²</p>	2
12.	<p>Протеомика - современная «Химия белка». Часть 1.¹ Технология мультикомплексного анализа белков с использованием массспектрометрии (МС). Исторические аспекты и этапы развития методов исследования пептидов и протеинов. Методология ранних исследований, проводившихся до раскрытия природы белка. Этап, связанный с развитием фракционирования. Период формирования энзимных методов исследования. Этап становления протеомного анализа (сепарационные технологии). Предиктивная протеомика – период, связанный с развитием геномики. Современный дизайн протеомного исследования. Выбор методов пробоподготовки (получение биологического образца и его подготовка к исследованию).²</p>	2
	Промежуточная аттестация	2
	Итого	25

¹ - тема

² - сущностное содержание

Рассмотрено на заседании кафедры молекулярной биологии и генетики «06» июня
2023 г., протокол № 10 а

Заведующий кафедрой



А.В.Топорков