

**Тематический план занятий семинарского типа  
по дисциплине «Современные проблемы геномики и протеомики»  
для обучающихся по образовательной программе  
бакалавриата по направлению подготовки 06.03.01 Биология,  
направленность (профиль) Генетика,  
форма обучения очная  
на 2023-2024 учебный год**

№	Тематические блоки	Часы (академ.)
1.	Технология рекомбинантных ДНК. Часть 1. <sup>1</sup> Векторы для клонирования больших фрагментов ДНК. Выделение и фрагментация ДНК. Подготовка фрагментов ДНК для клонирования. <sup>2</sup>	2
	Технология рекомбинантных ДНК. Часть 2. <sup>1</sup> Векторы для клонирования больших фрагментов ДНК. Выделение и фрагментация ДНК. Подготовка фрагментов ДНК для клонирования. <sup>2</sup>	1
2.	Технология рекомбинантных ДНК. Часть 1. <sup>1</sup> Векторы для клонирования больших фрагментов ДНК. Выделение и фрагментация ДНК. Подготовка фрагментов ДНК для клонирования. <sup>2</sup>	2
	Технология рекомбинантных ДНК. Часть 2. <sup>1</sup> Векторы для клонирования больших фрагментов ДНК. Выделение и фрагментация ДНК. Подготовка фрагментов ДНК для клонирования. <sup>2</sup>	2
3.	Определение нуклеотидной последовательности ДНК. Часть 1. <sup>1</sup> Подготовка продуктов амплификации для постановки реакции циклического секвенирования. Вырезание специфических бэндов из агарозного геля. Очистка продукта при помощи EhoI/SAP, определение концентрации рабочей матрицы. <sup>2</sup>	2
	Определение нуклеотидной последовательности ДНК. Часть 2. <sup>1</sup> Подготовка продуктов амплификации для постановки реакции циклического секвенирования. Вырезание специфических бэндов из агарозного геля. Очистка продукта при помощи EhoI/SAP, определение концентрации рабочей матрицы. <sup>2</sup>	2
4.	Определение нуклеотидной последовательности ДНК. Часть 1. <sup>1</sup> Анализ данных, полученных в результате автоматизированного секвенирования по Сэнгеру. Выравнивание и множественное выравнивание. Работа с программным обеспечением для хранения и обработки биологических последовательностей. <sup>2</sup>	2
	Определение нуклеотидной последовательности ДНК. Часть 2. <sup>1</sup> Анализ данных, полученных в результате автоматизированного секвенирования по Сэнгеру. Выравнивание и множественное выравнивание. Работа с программным обеспечением для хранения и обработки биологических	2

	последовательностей. <sup>2</sup>	
5.	Анализ данных массового параллельного секвенирования. Часть 1. <sup>1</sup> Работа с ассемблерами. Сборка бактериального генома на референс и <i>de novo</i> . Аннотация бактериального генома <i>in silico</i> . <sup>2</sup>	2
	Анализ данных массового параллельного секвенирования. Часть 2. <sup>1</sup> Работа с ассемблерами. Сборка бактериального генома на референс и <i>de novo</i> . Аннотация бактериального генома <i>in silico</i> . <sup>2</sup>	2
6.	Основные методы фракционирования белков в протеомике. Часть 1. <sup>1</sup> Общие нехроматографические методы разделения белков: проточная цитометрия, субклеточное фракционирование, преципитация, аналитический двумерный электрофорез (2DPAGE). Принцип фракционирования 2DPAGE. <sup>2</sup>	2
	Основные методы фракционирования белков в протеомике. Часть 2. <sup>1</sup> Общие нехроматографические методы разделения белков: проточная цитометрия, субклеточное фракционирование, преципитация, аналитический двумерный электрофорез (2DPAGE). Принцип фракционирования 2DPAGE. <sup>2</sup>	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». <sup>1</sup> 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 человека». <sup>2</sup>	2
9.	Определение первичной структуры ДНК. <sup>1</sup> 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. <sup>2</sup>	2
10.	Анализ экспрессии гена. <sup>1</sup> Нозерн-блот гибридизация и гибридизация <i>in situ</i> . Анализ локализации белка. Значение иммунохимического анализа <i>in situ</i> 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).  Исследование приобретения функции генов по данным суперэкспрессии/эктопической экспрессии. <sup>2</sup>	2
11.	Становление постгеномного периода развития молекулярной биомедицины	2

	и биотехнологии. <sup>1</sup> Перспективы и проблемы функциональной геномики. Стратегические задачи исследования программы «Функциональная геномика». Метаболомика: 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. <sup>2</sup>	
12.	Протеомика - современная «Химия белка» <sup>1</sup> 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). <sup>2</sup>	2
	Промежуточная аттестация	2
	Итого	36

<sup>1</sup> - тема

<sup>2</sup> - сущностное содержание

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

Заведующий кафедрой



А.В.Топорков