

**Тематический план занятий семинарского типа
по дисциплине «Современные проблемы геномики и протеомики»
для обучающихся 2022 года поступления
по образовательной программе
06.03.01 Биология,
профиль Генетика
(бакалавриат),
форма обучения очная
2024- 2025 учебный год.**

| № | Тематические блоки | Часы (академ.) |
|-----------|--|-------------------|
| 5 семестр | | |
| 1. | Определение нуклеотидной последовательности ДНК. ¹ Подготовка продуктов амплификации для постановки реакции циклического секвенирования. Вырезание специфических бэндов из агарозного геля. Очистка продукта при помощи EhoI/SAP, определение концентрации рабочей матрицы. 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 |
| 2. | 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 |
| 3. | Основные методы фракционирования белков в протеомике. ¹ Общие нехроматографические методы разделения белков: проточная цитометрия, субклеточное фракционирование, преципитация, аналитический двумерный электрофорез (2DPAGE). Принцип фракционирования 2DPAGE. 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. ² | 2 |
| 4. | 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 человека». ² | 2 |
| 5. | 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 | 2 |
| 6. | Анализ экспрессии гена. ¹ 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 | 2 |

| | | |
|----|---|----|
| | 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. ² | |
| 7. | Становление постгеномного периода развития молекулярной биомедицины и биотехнологии. ¹ 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. ² | 2 |
| 8. | Протеомика - современная «Химия белка». 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 | 2 |
| 9. | Промежуточная аттестация | 2 |
| | Итого | 18 |

¹ - тема

² - сущностное содержание

Рассмотрено на заседании кафедры молекулярной биологии и генетики «14» июня 2024 г., протокол № 10

Заведующий кафедрой



А.В. Топорков