

КИЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ  
ІМЕНІ ТАРАСА ШЕВЧЕНКА

Інститут високих технологій

Кафедра молекулярної біотехнології та біоінформатики



**РОБОЧА ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ**

Структурна та функціональна геноміка

(повна назва дисципліни)

для студентів

галузь знань 09 Біологія  
(шифр і назва)  
спеціальність 091 Біологія  
(шифр і назва спеціальності)  
освітній рівень магістр  
(молодший бакалавр, бакалавр, магістр)  
освітня програма Біоінформатика та структурна біологія  
(назва освітньої програми)  
вид дисципліни обов'язкова

Форма навчання	денна
Навчальний рік	2021/2022
Семестр	1
Кількість кредитів ECTS	5.0
Мова викладання, навчання та оцінювання	українська
Форма заключного контролю	іспит

Викладач: Самофалова Дарія Олексіївна, к.б.н., доцент кафедри молекулярної біотехнології та біоінформатики  
Нипорко Олексій Юрійович, к.б.н., доц., зав. кафедри молекулярної біотехнології та біоінформатики

Пролонговано: на 20 21/2022 н.р. (К.М. Руденко) «05» 03 2021 р. прот. №13  
(підпис, ПІБ, дата)

на 20   /20    н.р. (    ) «    » 20    р.  
(підпис, ПІБ, дата)

КИЇВ – 2020

ННД 02

Розробники:

Самофалова Дарія Олексіївна, к.б.н., доцент кафедри молекулярної біотехнології та біоінформатики  
Нипорко Олексій Юрійович, к.б.н., доц., зав. кафедри молекулярної біотехнології та біоінформатики

ЗАТВЕРДЖЕНО

Зав. кафедри молекулярної біотехнології та біоінформатики

  
\_\_\_\_\_ (Нипорко О.Ю.)  
(підпис) (прізвище та ініціали)

Протокол № 12 від « 12 » 06 2020 р.

Схвалено науково - методичною комісією Інституту високих технологій

Протокол від « 24 » червня 2020 року № 3

Голова науково-методичної комісії \_\_\_\_\_ (Русінчук Н.Н.)  
(підпис) (прізвище та ініціали)

ННД 02

## ВСТУП

**1. Мета дисципліни** – ознайомлення студентів з відомими методами та програмними засобами структурної та функціональної геноміки для розв'язання біологічних задач та оволодіння підходами до аналізу генетичної інформації, знаннями щодо функціонування генів, геномів і метагеномів, навичками використання сучасних типових числових методів аналізу генів чи геномів та сучасних програмних середовищ.

### **2. Попередні вимоги до опанування або вибору навчальної дисципліни (за наявності):**

1. Мати базові знання з молекулярної біології, органічної хімії та біофізики.
2. Вміти користуватися геномними базами даних та он-лайн сервісами, розрізняти різні типи та формати запису молекулярно-біологічної інформації.
3. Володіти елементарними навичками складання алгоритмів та написання програм для реалізації обчислень.

### **3. Анотація навчальної дисципліни:**

Принципи організації геномів різних організмів та володіння інформацією про функціонування генів і геномів, їх будову та регуляцію, що розглядаються під час дисципліни “Структурна та функціональна геноміка” є загальними для багатьох біологічних, а також можуть застосовуватись як у суміжних науках, так і в міждисциплінарних дослідженнях. Напрямок подається, як окрема повноцінна дисципліна. Надає інформацію про фізичну організацію цілих геномів і метагеномів, функціональну геноміку, яка характеризує продукти генної експресії на прикладі вивчення метаболізму, протеому, тощо та порівняльної геноміки.

### **4. Завдання (навчальні цілі):**

*Навчання дисципліни має на меті розвинути у студентів такі компетентності:*

ЗК02. Здатність використовувати інформаційні та комунікаційні технології.

СК01. Здатність користуватися новітніми досягненнями біології, необхідними для професійної, дослідницької та/або інноваційної діяльності. Здатність застосовувати знання у професійній діяльності з урахуванням новітніх досягнень, у т.ч. для дослідницької роботи.

СК02. Здатність формулювати задачі моделювання, створювати моделі об'єктів і процесів на прикладі різних рівнів організації живого із використанням математичних методів й інформаційних технологій.

СК03. Здатність користуватися сучасними інформаційними технологіями та аналізувати інформацію в галузі біології і на межі предметних галузей.

СК04. Здатність аналізувати і узагальнювати результати досліджень різних рівнів організації живого, біологічних явищ і процесів.

СК11. Вміння розробляти програмне забезпечення для обробки біомолекулярних даних.

### **5. Результати навчання за дисципліною:**

Результат навчання (1. знати; 2. вміти; 3. комунікація; 4. автономність та відповідальність)		Форми (та/або методи і технології) викладання і навчання	Методи оцінювання та пороговий критерій оцінювання (за необхідності)	Відсоток у підсумковій оцінці з дисципліни
Код	Результат навчання			
1.1	<i>Знати терміни, поняття та методи, що використовуються у структурній та функціональній геноміці, розуміти межі їх застосовності, точність. Розрізняти бібліотеки, інформаційні бази даних, інтернет ресурси для пошуку необхідної інформації.</i>	<i>Лекції</i>	<i>Модульна контрольна робота</i>	<i>15%</i>
1.2	<i>Знати основні методи та принципи секвенування, його обробки та аналізу даних, розуміти межі їх застосовності,</i>	<i>Лекції</i>	<i>Модульна контрольна робота</i>	<i>15%</i>

	<i>точність.</i>			
1.3	<i>Знати основні методи дослідження мікробних спільнот, розрізняти методи секвенування для окремих геномів еукаріот та прокаріот і метагеномів відповідно, розуміти межі їх застосовності, точність.</i>	<i>Лекції</i>	<i>Модульна контрольна робота</i>	<i>15%</i>
1.4	<i>Знати перелік задач сучасної біології, до розв'язання яких застосовуються специфічні методи чи алгоритми геноміки</i>	<i>Самостійна робота студента</i>	<i>Питання на модульній контрольній роботі</i>	<i>6%</i>
2.1	<i>Вміти застосовувати спеціальне програмне забезпечення для розв'язання задач з структурної та функціональної геноміки</i>	<i>Практичні роботи, самостійна робота студента</i>	<i>Домашні самостійні завдання</i>	<i>9%</i>
3.1	<i>Вміти донести інформацію про постановку задач структурної та функціональної геноміки або подати методи їх розв'язання до аудиторії.</i>	<i>Самостійна робота студента</i>	<i>Усна відповідь на екзамені</i>	<i>10%</i>
4.1	<i>Прийняти і обґрунтувати рішення щодо вибору методу.</i>	<i>Інтерактивні лекції, практичні заняття, самостійна робота студента</i>	<i>Відповідь на екзамені: обґрунтування методів</i>  <i>Розв'язання задачі на екзамені</i>	<i>15%</i>  <i>15%</i>

## 6. Співвідношення результатів навчання дисципліни із програмними результатами навчання

<b>Результати навчання дисципліни</b>	<b>1.1</b>	<b>1.2</b>	<b>1.3</b>	<b>1.4</b>	<b>2.1</b>	<b>3.1</b>	<b>4.1</b>
<b>Програмні результати навчання</b>							
ПР2. Використовувати бібліотеки, інформаційні бази даних, інтернет ресурси для пошуку необхідної інформації.				+	+	+	+
ПР4. Розв'язувати складні задачі в галузі біології, генерувати та оцінювати ідеї.	+	+	+		+		+
ПР6. Аналізувати біологічні явища та процеси на молекулярному, клітинному, організменному, популяційно-видовому та біосферному рівнях з точки зору фундаментальних загальнонаукових знань, а також за використання спеціальних сучасних методів досліджень.				+	+		+
ПР10. Представляти результати наукової роботи письмово (у вигляді звіту, наукових публікацій тощо) та усно (у формі доповідей та захисту звіту) з використанням сучасних технологій, аргументувати свою позицію в науковій дискусії.	+	+	+	+	+		+
ПР16. Моделювати об'єкти і процеси у живих організмах та їхніх компонентах із використанням математичних методів й інформаційних технологій.	+	+	+				
ПР17. Розробляти програмне забезпечення для обробки біомолекулярних даних.					+		

## 7. Схема формування оцінки.

### 7.1 Форми оцінювання студентів:

#### - семестрове оцінювання:

1. Модульні контрольні роботи (3 роботи): 17 балів/12 балів.

2. Домашні самостійні завдання (9 робіт): 1 бал/0 бали.

Усього: 60 балів/36 балів.

#### - підсумкове оцінювання: екзамен: 40 балів/24 бали.

Структура екзаменаційного білета: 3 запитання з розгорнутою відповіддю (РН1.1-1.3) по 8 балів + 1 практичне завдання з захистом (16 балів).

Оцінювання	Min	Max
Семестрове оцінювання	36	60
Екзамен	24	40
<b>Всього</b>	<b>60</b>	<b>100</b>

### 7.2 Організація оцінювання:

Оцінювання 3х контрольних робіт та самостійних завдань наведена у таблицях вище. Загалом максимальна кількість балів, яку студент може отримати за виконання завдань поточного контролю в кожному зі змістовних модулів –  $(17+3)*3$ . Результати навчальної діяльності студентів оцінюються за 100-бальною шкалою.

Розуміння оцінювання розглядається зі студентами після першого практичного завдання для самостійного розв'язання та на основі цього підготовки коротких (3-5 хвилин) доповідей під час проведення наступних практичних.

Перша, друга та третя модульна робота представлена у вигляді двох рівнів: тестового та короткого розгорнутого, студент отримує 17 балів.

Починаючи з 2го практичного заняття студенти роблять домашні завдання базуючись на об'єктах власних наукових робіт із використанням будь-яких методів та форм представлення інформації: домашні завдання оцінюються з точки зору правильності отриманих результатів, структури роботи, пояснення отриманих результатів у 9 балів протягом семестру. Мінімум за дане завдання – 0 балів – у разі невиконання студентом завдання протягом семестру

За результатами оцінювання першого змістовного модуля, розглядається форма 2 та 3тої модульних робіт, зокрема тестові чи інтерактивні.

Протягом семестру студенти мають виконати, підготувати звіт та усно захистити 9 домашніх самостійних завдань.

Студент допускається до екзамену лише за умови виконання усіх модульних контрольних робіт, підготовки по ним звіту та усного їх захисту хоча б на мінімально можливий бал.

Вивчення курсу завершується письмовим екзаменом з усною співбесідою. Екзамен спрямований на визначення рівня знань студентами матеріалів лекцій за весь семестр та вміння застосовувати отримані знання до розв'язання задач. Екзамен вважається складеним, якщо студент отримав мінімально можливу оцінку – 24 бали.

### 7.3 Шкала відповідності оцінок

За шкалою університету (100-бальною системою)	Оцінка за національною шкалою	
90-100	відмінно	5
75-89	добре	4

60-74	задовільно	3
1-59	незадовільно	2

## 8. Структура навчальної дисципліни. Тематичний план лекцій і лабораторних занять

№ п/п	Назва теми	Кількість годин		
		лекції	практичні	самостійна робота
<b>Частина 1 Теоретичне навчання</b>				
1	<b>Вступ.</b> <b>Тема 1.</b> Загальні терміни, поняття та методи геноміки. Огляд основних розділів: структурної, функціональної та порівняльної геноміки.	2		4
2	<b>Тема 2.</b> Методи визначення послідовності нуклеїнових кислот: детекція від багатьох молекул до однієї молекули ДНК. Секвенування нового покоління. Комерційні технології NGS.	2	2	8
3	<b>Тема 3.</b> Завдання, методи та алгоритми аналізу геномних даних. Загальні принципи обробки даних секвенування нового покоління. Програмне забезпечення для візуалізації та аналізу первинних даних секвенування.	2	2	8
	<b>Модульна контрольна робота</b>			2
4	<b>Тема 4.</b> Функціональна геноміка. Геномні бази даних, вбудовані інструменти аналізу та їх можливості.	2		4
5	<b>Тема 5.</b> Типи та особливості реплікації. Функції різних ДНК-полімераз в процесах реплікації. Теломери та теломерази. Типи та особливості репарації. Значення систем репарації.	2		8
6	<b>Тема 6.</b> Механізми підтримання цілісності геному. Транскрипція та Трансляція. Особливості будови та функцій РНК-полімераз.	2	2	8
7	<b>Тема 7.</b> Структурна геноміка. Особливості організації геномів еукаріот. Можливості редагування геному. Відмінності у рослин.	2		8
8	<b>Тема 8.</b> Анотування геномів та взаємодія окремих генів. Генні мережі.	2	2	8
9	<b>Тема 9.</b> Особливості організації геномів прокаріот. QS-регуляція, її особливості та можливості для антимікробної терапії.	2		8
10	<b>Тема 10.</b> Секвенування окремих геномів і транскриптомів прокаріот. Протокол секвенування та аналізу даних геномного секвенування	2	2	8
	<b>Модульна контрольна робота</b>			2
11	<b>Тема 11.</b> Порівняльна геноміка. Порівняння геному та метагеному. Загальні терміни, поняття та методи метагеноміки. Напрямки та області використання метагеноміки.	2		8
12	<b>Тема 12.</b> Особливості підготовки та аналізу даних 16S-секвенування. Технології MiSeq та HiSeq. Прокаріотичні та еукаріотичні метагеноми.	2	2	8
13	<b>Тема 13.</b> Програмне забезпечення для візуалізації та аналізу даних метагеноміки.	2	2	8
14	<b>Тема 14.</b> Устаткування та програмне забезпечення для обробки даних секвенування геномів та метагеномів. Технології прискорення вирішення задач.	2		4
11	<b>Модульна контрольна робота</b>			2
	<b>ВСЬОГО</b>	<b>28</b>	<b>14</b>	<b>108</b>

Загальний обсяг 150 год., в тому числі:

Лекцій – **28 год.**

Практичні заняття - **14 год.**

Самостійна робота - **108 год.**

#### **9. Рекомендовані джерела:**

##### **Основна:**

1. **Chen, Yu Wai, Bennu Yiu, Chin-Pang** (Eds.). Structural Genomics. Springer Science+Business Media, LLC, part of Springer Nature, 2021.
2. Yu Wai Chen (Editor). Structural Genomics: General Applications (Methods in Molecular Biology, 1091) 2014th Edition. Humana; 2014th edition (November 9, 2013).
3. Michael Sundstrom, Martin Norin, Aled Edwards. Structural Genomics and High Throughput Structural Biology. 2019 by CRC Press.
4. Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition, Kindle Edition. Wiley-Blackwell; 3rd edition (August 17, 2015)
5. Kaufmann, Michael, Klinger, Claudia, Savelsbergh, Andreas (Eds.) Functional Genomics. Springer Science+Business Media LLC, 2017.

##### **Додаткова:**

1. Альбертс, Брей, Хопкин: Основы молекулярной биологии клетки. Лаборатория знаний, 2018 г.
2. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии - Уилсон К. 2021 г. (978-5-00101-130-9) Изд. Лаборатория знаний.

#### **10. Додаткові ресурси:**

<https://www.thesgc.org/> - Structural Genomics Consortium: SGC

[https://www.penn-ngc.org/adsp-functional-genomics-consortium-](https://www.penn-ngc.org/adsp-functional-genomics-consortium-launch/?utm_source=rss&utm_medium=rss&utm_campaign=adsp-functional-genomics-consortium-launch)

[launch/?utm\\_source=rss&utm\\_medium=rss&utm\\_campaign=adsp-functional-genomics-consortium-](https://www.penn-ngc.org/adsp-functional-genomics-consortium-launch/?utm_source=rss&utm_medium=rss&utm_campaign=adsp-functional-genomics-consortium-launch)

[launch](https://www.penn-ngc.org/adsp-functional-genomics-consortium-launch) - ADSP Functional Genomics Consortium Launch – PNGC

<http://www.humanfunctionalgenomics.org/site/> - Human Functional Genomics Project