

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Павлов Валентин Николаевич
Должность: Ректор
Дата подписания: 14.06.2024 15:21:32
Уникальный программный ключ:
a562210a8a161d1bc9a3440a3e820ac76b9673085849e0d60b2e5a7c710bee

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«БАШКИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»
МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе
Варнин Д.А. / 

2024 г



РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

ГЕНОМИКА И ПРОТЕОМИКА

Уровень образования

Высшее – *специалитет*

Специальность

06.05.01 – Биоинженерия и биоинформатика

Квалификация

Биоинженер и биоинформатик

Форма обучения

Очная

Для приема: 2024

При разработке рабочей программы учебной дисциплины в основу положены:

1) Федеральный государственный образовательный стандарт высшего образования – специалитет по специальности 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации № 973 от «12» августа 2020г.

2) Учебный план по направлению подготовки 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика, утвержденный Ученым советом федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Башкирский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации от «30» мая 2024 г., протокол №5.

3) Приказ Министерства труда и социальной защиты РФ №145н от «14» марта 2018 г. «Об утверждении профессионального стандарта «Специалист в области клинической лабораторной диагностики».

Рабочая программа учебной дисциплины одобрена на заседании кафедры фундаментальной и прикладной микробиологии от «8» апреля 2024 г., протокол № 8.
Заведующий кафедрой Гимранова И.А.

Рабочая программа учебной дисциплины одобрена УМС центра инновационных образовательных программ от «24» апреля 2024, протокол №2.

Председатель УМС

Центра инновационных образовательных программ



/ Титова Т.Н.

Разработчики:

Гимранова И.А., к.м.н., доцент, заведующий кафедрой фундаментальной и прикладной микробиологии

Швец Д.Ю., ассистент кафедры фундаментальной и прикладной микробиологии

СОДЕРЖАНИЕ РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЫ:

1.	Пояснительная записка	4
1.1.	Цель и место дисциплины в структуре образовательной программы	4
1.2.	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций	4
2.	Требования к результатам освоения учебной дисциплины	6
2.1.	Типы задач профессиональной деятельности	6
2.2.	Перечень компетенций и индикаторов достижения компетенций с указанием соотнесенных с ними запланированных результатов обучения по дисциплине	6
3.	Содержание рабочей программы	8
3.1.	Объем учебной дисциплины (модуля) и виды учебной работы	8
3.2.	Перечень разделов учебной дисциплины и компетенций с указанием соотнесенных с ними тем разделов дисциплины	9
3.3.	Разделы учебной дисциплины, виды учебной деятельности и формы контроля	13
3.4.	Название тем лекций и количество часов по семестрам учебной дисциплины (модуля)	14
3.5.	Название тем практических занятий, в том числе практической подготовки и количество часов по семестрам учебной дисциплины (модуля)	15
3.6.	Лабораторный практикум	16
3.7.	Самостоятельная работа обучающегося	16
4.	Фонд оценочных материалов для контроля успеваемости и результатов освоения учебной дисциплины (модуля)	
4.1.	Перечень компетенций и индикаторов достижения компетенций с указанием соотнесенных с ними запланированных результатов обучения по дисциплине. Описание критериев и шкал оценивания результатов обучения по дисциплине.	17
4.2.	Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценивания результатов обучения по учебной дисциплине (модуля), соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций	21
5.	Учебно-методическое и информационное обеспечение учебной дисциплины (модуля)	23
5.1.	Перечень основной и дополнительной литературы, необходимой для освоения учебной дисциплины (модуля)	23
5.2.	Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения учебной дисциплины (модуля)	24
6.	Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)	24
6.1.	Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)	25
6.2.	Современные профессиональные базы данных, информационные справочные системы	25
6.3.	Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства	27

1. Пояснительная записка

1.1. Цель и место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина «Геномика и протеомика» относится к обязательной части.

Дисциплина изучается на 3 курсе в 5 семестре.

Целью освоения учебной дисциплины (модуля) «Геномика и протеомика» является ознакомление обучающихся с основами геномики, как современной комплексной фундаментальной дисциплины об организации, структуре и функционировании геномов; путей формирования и эволюции протеомов, формирование общего молекулярного мировоззрения на основе знания о механизмах построения геномов разного уровня сложности.

1.2. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций

Код и наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения по учебной дисциплине (модулю)
ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; применения физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
	ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов	Уметь применять знания в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.

	биологических исследований.	
	ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.	Знать методики поиска научно-технической информации, литературного и патентного поиска по темам исследования.
	ПК-1.2. Применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Уметь применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.
	ПК-1.3. Использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	Владеть знаниями и навыками для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.
	ПК-1.5. Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики при выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.

2. Требования к результатам освоения учебной дисциплины

2.1. Типы задач профессиональной деятельности

Задачи профессиональной деятельности, которые лежат в основе преподавания учебной дисциплины: научно-исследовательская, педагогическая.

2.2. Перечень компетенций, индикаторов достижения компетенций и индекса трудовой функции

п/№	Номер/ индекс компетенции (или его части) и ее содержание	Номер индикатора компетенции (или его части) и его содержание	Индекс трудовой функции и ее содержание	Перечень практических навыков по овладению компетенцией	Оценочные средства
1	2	3	4	5	6
1.	ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований. ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул;	-	в практической профессиональной деятельности сохранение биоразнообразия видов; устойчивости биосферы; владение методами наблюдения, описания, определения, культивирования биологических объектов	контрольная работа, собеседование, ситуационные задачи, письменное тестирование

		использовать математические методы обработки результатов биологических исследований. ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.			
2.	ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования. ПК-1.2. Применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой. ПК-1.3. Использовать полученные	А/02.7 Освоение и внедрение новых методов клинических лабораторных исследований и медицинских изделий для диагностики in vitro	способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	контрольная работа, собеседование

		<p>знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.</p> <p>ПК-1.5.</p> <p>Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.</p>			
--	--	--	--	--	--

3. Содержание рабочей программы

3.1 Объем учебной дисциплины (модуля) и виды учебной работы

Вид учебной работы	Всего часов/ зачетных единиц	Семестры
		5 часов
1	2	3
Контактная работа (всего), в том числе:	48/1,33	48
Лекции (Л)	12/0,33	12
Практические занятия (ПЗ)*,	36/1,0	36
Самостоятельная работа обучающегося, в том числе:	24/0,7	24
Подготовка к занятиям (ПЗ)	14/0,4	14
Подготовка к текущему контролю (ПТК)	4/0,1	4
Подготовка к промежуточному контролю (ППК)	6/0,2	6
Вид промежуточной аттестации	Экзамен (Э)	36
ИТОГО: Общая трудоемкость	час.	108
	ЗЕТ	3

* - в том числе практическая подготовка

3.2. Перечень разделов учебной дисциплины и компетенций с указанием соотнесенных с ними тем разделов дисциплины

№п/п	Индекс компетенции	Наименование раздела учебной дисциплины	Содержание раздела (темы разделов)
1	2	3	4
1.	ОПК-3 ПК-1	Источники данных	Секвенаторы второго поколения: характерные длины прочитанных участков (reads), парноконцевые чтения, характерные длины фрагментов. Пиросеквенирование. Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.). Базы данных нуклеотидных последовательностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene. «Выравнивание» нуклеотидных последовательностей.
2.	ОПК-3 ПК-1	Протеомные данные	Масс-спектрометрия. Связь с геномами. "Трансляция" нуклеотидной последовательности в аминокислотную. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов". Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы. Базы данных аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database.
3.	ОПК-3 ПК-1	Белок-белковые взаимодействия	Дрожжевые двугибридные системы. Методы фагового дисплея, двугибридных систем и другие аффинные методы, применяемые для изучения белок-белковых взаимодействий. Белковые чипы. Предсказание потенциальных сайтов пост-трансляционных модификаций белков и белок-белковых взаимодействий.
4.	ОПК-3 ПК-1	Белок-ДНКовые взаимодействия	Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq. ChIP-Chip как техника, объединяющая иммунопреципитацию хроматина (chromatin immunoprecipitation - ChIP) с технологией ДНК-чипов (microarray technology, DNA-chips). Применение техники для исследования ДНК-белковых взаимодействий in vivo. ChIP-Seq как техника, объединяющая иммунопреципитацию хроматина (ChIP) с масштабным параллельным секвенированием ДНК. Применение для идентификации сайтов связывания белков.

5.	ОПК-3 ПК-1	Сборка геномов	Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скаффолды по библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.
6.	ОПК-3 ПК-1	Сравнительная геномика	Функциональная аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции. Характеризация геномов по молекулярной массе, количеству генов и нуклеотидной последовательности. Выявление сходства и различия в организации геномов. Получение сведений об уникальных и гомологичных генах, о степени гомологии.
7.	ОПК-3 ПК-1	Инструменты сравнительной геномики	Основные инструменты: а) COGs и KOGs; Homologene и другие базы данных гомологов, б) String, с) SEED. Филогенетическая классификация белков (Clusters of Orthologous Groups of proteins, COGs) как результат сравнения белковых последовательностей по полным геномам представителей важнейших филогенетических групп организмов. Программа HomoloGene как инструмент базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI) для автоматической детекции гомологов. Алгоритм SEED.
8.	ОПК-3 ПК-1	Эволюция геномов	Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дупликации, с) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция. Пути эволюции геномов, происхождение генетического полиморфизма и биоразнообразия, роль горизонтального переноса генов. Эволюционный подход к изучению формирования комплексов генов, отдельных хромосом, стабильности частей генома, процесса расообразования у человека, эволюцией наследственной патологии.
9.	ОПК-3 ПК-1	SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом индивида. Спейсеры генов рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа: прямая зависимость между степенью полиморфизма и филогенетическим расстоянием между организмами. Использование SNP в молекулярной

			диагностике болезней человека.
10.	ОПК-3 ПК-1	Метагеномика	Секвенирование 16S РНК и других маркеров. Тотальное секвенирование и функциональные интерпретации. Метагеном – генетический материал, получаемый напрямую из образцов среды: с учетом некультивируемых микроорганизмов, наряду с культивируемыми. Метагеномика как «геномика окружающей среды» или «эко геномика».
11.	ОПК-3 ПК-1	Негеномные (постгеномные) данные	Вэб-ориентированный автоматизированный мета-анализ данных о сотнях транскриптов (или белков) в ходе одного эксперимента. Прогнозирование и аннотирование взаимодействующих белков на основе масштабного анализа результатов масс-спектрометрических экспериментов, анализа геномных данных и автоматического анализа опубликованных данных.
12.	ОПК-3 ПК-1	Транскриптомика	Картирование секвенированных фрагментов на геном. Фильтрация. Оценка уровней экспрессии генов и уровней включения экзонов. Основные методы транскриптомики: ДНК-микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени), РНК-интерференция, методы SAGE, ESI, дифференциального дисплея, RNAPol-ChIP. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.
13.	ОПК-3 ПК-1	Протеомика	Аннотация протеомов по масс-спектрометрическим данным. Геном – чертеж, протеом – работающие молекулярные машины. Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и тандемная масс-спектрометрия). Применение масс-спектрометрии для анализа пост-трансляционных модификаций белков и для характеристики белковых комплексов. Трансляция «in silico». Протеолиз «in silico». Построение карт взаимодействия между белками в клетке.
14.	ОПК-3 ПК-1	Пост-трансляционные модификации белков	Ограниченный протеолиз, белковый сплайсинг, образование дисульфидных связей. Присоединение или отщепление небольших химических групп: гликозилирование, ацетилирование, метилирование,

			<p>карбоксилирование, фосфорилирование. Присоединение других белков и пептидов: убиквитинилирование, сумоилирование.</p>
15.	ОПК-3 ПК-1	Протеом человека (программа)	<p>«Протеом человека» – продолжение программы «Геном человека». Human Proteome Organization (HUPO). Официальный старт программы в 2010 г., у России – 18 хромосома. Протеом и пептидом. Цели программы: выявление специфических для конкретных заболеваний изменений в протеоме, установление диагностически значимой диспропорции белков в пораженном органе, обнаружение целевых протеинов (мишеней) и создание новых высокоэффективных медикаментозных и диагностических средств.</p>
16.	ОПК-3 ПК-1	Системная биология	<p>Сети и модели. Графовый подход. Свойства (природных) графов: а) диаметр, б) распределение степеней вершин, с) коэффициент кластеризации. Особенности элементы: а) hubs, центральные вершины, б) графовые мотивы (graphlets). Исследование и моделирование свойств сложных биологических систем, которые нельзя объяснить суммой свойств ее составляющих. Применение теории динамических систем к биологическим системам.</p>

3.3. Разделы учебной дисциплины, виды учебной деятельности и формы контроля

№п/п	№ семестра	Наименование раздела учебной дисциплины (модуля)	Виды учебной деятельности, включая самостоятельную работу обучающихся (в часах)					Формы текущего контроля успеваемости (по неделям семестра)
			Л	ЛР	ПЗ	СРО	всего	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.	5	Источники данных. Протеомные данные. Белок-белковые взаимодействия	2	-	6	4	12	письменное тестирование, устный опрос, контрольная работа, собеседование по ситуационным задачам
2.	5	Белок-ДНКовые взаимодействия. Сборка геномов. Сравнительная геномика	2	-	6	4	12	собеседование по ситуационным задачам, письменное тестирование
3.	5	Инструменты сравнительной геномики. Эволюция геномов. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	2	-	6	4	12	устный опрос, контрольная работа
4.	5	Метагеномика. Негеномные (постгеномные) данные. Транскриптомика	2	-	6	4	12	контрольная работа, письменное тестирование, устный опрос

5.	5	Протеомика. Пост-трансляционные модификации белков	2	-	6	4	12	собеседование по ситуационным задачам, письменное тестирование, контрольная работа
6.	5	Протеом человека (программа). Системная биология	2	-	6	4	12	собеседование по ситуационным задачам, письменное тестирование, контрольная работа
Экзамен							36	
		ИТОГО:	12	-	36	24	108	

3.4. Название тем лекций и количество часов по семестрам изучения учебной дисциплины (модуля).

№ п/п	Название тем лекций учебной дисциплины (модуля)	Семестр
		5
1	2	3
1	Источники данных. Протеомные данные. Белок-белковые взаимодействия	2
2	Белок-ДНКовые взаимодействия. Сборка геномов. Сравнительная геномика	2
3	Инструменты сравнительной геномики. Эволюция геномов. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	2
4	Метагеномика. Негеномные (постгеномные) данные. Транскриптомика	2
5	Протеомика. Пост-трансляционные модификации белков	2
6	Протеом человека (программа). Системная биология	2
	Итого	12

3.5. Название тем практических занятий в том числе практической подготовки и количество часов по семестрам изучения учебной дисциплины (модуля).

№ п/п	Название тем практических занятий учебной дисциплины (модуля)	Семестры
		5
1	2	3
1	Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.).	2
2	Масс-спектрометрия. Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы.	2
3	Методы фагового дисплея, двугибридных систем и другие аффинные методы, применяемые для изучения белок-белковых взаимодействий. Белковые чипы.	2
4	Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq. Применение техники для исследования ДНК-белковых взаимодействий in vivo. Применение для идентификации сайтов связывания белков.	2
5	Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скаффолды по библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.	2
6	Функциональная аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции. Выявление сходства и различия в организации геномов.	2
7	Основные инструменты: а) COGs и KOGs; Homologene и другие базы данных гомологов, б) String, с) SEED. Филогенетическая классификация белков (Clusters of Orthologous Groups of proteins, COGs) как результат сравнения белковых последовательностей по полным геномам представителей важнейших филогенетических групп организмов. Программа HomoloGene как инструмент базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI) для автоматической детекции гомологов. Алгоритм SEED.	2
8	Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дубликации, с) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция.	2
9	Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными	2

	участками гомологичных хромосом индивида. Спейсеры генов рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа.	
10	Секвенирование 16S РНК и других маркеров. Тотальное секвенирование и функциональные интерпретации.	2
11	Вэб-ориентированный автоматизированный мета-анализ данных о сотнях транскриптов (или белков) в ходе одного эксперимента.	2
12	Картирование секвенированных фрагментов на геном. Фильтрация. Оценка уровней экспрессии генов и уровней включения экзонов. Основные методы транскриптомики: ДНК-микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени), РНК-интерференция, методы SAGE, ESI, дифференциального дисплея, RNAPol-CHiP. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.	2
13	Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и тандемная масс-спектрометрия).	3
14	Ограниченный протеолиз, белковый сплайсинг, образование дисульфидных связей. Присоединение или отщепление небольших химических групп: гликозилирование, ацетилирование, метилирование, карбоксилирование, фосфорилирование. Присоединение других белков и пептидов: убиквитинилирование, сумоилирование.	3
15	«Протеом человека» – продолжение программы «Геном человека».	2
16	Сети и модели. Графовый подход. Свойства (природных) графов: а) диаметр, б) распределение степеней вершин, в) коэффициент кластеризации.	2
17	Исследование и моделирование свойств сложных биологических систем, которые нельзя объяснить суммой свойств ее составляющих.	2
	Итого	36

3.6. Лабораторный практикум

Не предусмотрено учебным планом.

3.7. Самостоятельная работа обучающегося

3.7.2. Виды СРО (ВНЕАУДИТОРНАЯ РАБОТА)

№ п/п	№ семестра	Тема СРО	Виды СРО	Всего часов
1	2	3	4	5
1.	5	Источники данных. Протеомные данные. Белок-белковые	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4

		взаимодействия		
2.	5	Белок-ДНКовые взаимодействия. Сборка геномов. Сравнительная геномика	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
3.	5	Инструменты сравнительной геномики. Эволюция геномов. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
4.	5	Метагеномика. Негеномные (постгеномные) данные. Транскриптомика	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
5.	5	Протеомика. Пост-трансляционные модификации белков	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
6.	5	Протеом человека (программа). Системная биология	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
ИТОГО часов в семестре:				24

3.7.3. Примерная тематика контрольных вопросов

Семестр № 5.

1. Становление и развитие геномики.
2. Сравнительная и эволюционная геномика.
3. Организация генома прокариот. Минимальный бактериальный геном.
4. Организация генома эукариотического организма.
5. Проект «Геном человека». Геномика-медицине.
6. Синтетический геном. Проект «Жизнь, версия 2.0».
7. Методы установления первичной структуры ДНК.
8. Геномный этап в становлении протеомики.
9. Идентификация белков методом двумерного гель-электрофореза.
10. Масс-спектроскопические методы идентификации белков.
11. Протеомика в медицине и фармакологии.
12. Количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени).
13. Дрожжевые двугибридные системы.
14. Фаговый дисплей.
15. ДНК-микрочипы.
16. РНК-интерференция.

4. Оценочные материалы для контроля успеваемости и результатов освоения учебной дисциплины (модуля)

4.1. Перечень компетенций и индикаторов достижения компетенций с указанием соотнесенных с ними запланированных результатов обучения по дисциплине. Описание критериев и шкал оценивания результатов обучения по дисциплине.

Код и формулировка компетенции:

ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований.

ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине	Критерии оценивания результатов обучения			
		2 («Не удовлетворительно»)	3 («Удовлетворительно»)	4 («Хорошо»)	5 («Отлично»)
ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; применения физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Не знает способы проведения эксперимента работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов исследования биологических исследований.	Имеет посредственные знания способов проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Имеет хорошие знания способов проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Показывает отличные знания способов проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
	Уметь применять знания в области геномики и	Не умеет осуществлять экспериментальную	Посредственно умеет осуществлять экспериментальную работу	Умеет осуществлять экспериментальную работу с	Отлично умеет осуществлять экспериментальную работу с организмами и

	<p>протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>работу с организмом и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>с организмами и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>организмами и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>
	<p>Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Не владеет способами проведения экспериментальной работы с организмом и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Слабо владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Хорошо владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Свободно владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>

	исследовани й.	исследова ний.			
ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментал ьную научно- исследовательс кую работу в области биоинженерии, биоинформати ки и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.	Знать методики поиска научно- технической информации , литературно го и патентного поиска по темам исследовани я.	Не знает научно- техническ ую информац ию и не выполняет литератур ный и патентный поиск по темам исследова ния.	Имеет посредственн ые знания в изучении научно- техническую информации и выполнении литературног о и патентного поиска по темам исследования .	Имеет хорошие знания в изучении научно- техническую информации и выполнении литературног о и патентного поиска по темам исследования	Показывает отличные знания в изучении научно- техническую информации и выполнении литературного и патентного поиска по темам исследования
	Уметь применять современны е подходы, характерные для биоинженер ии и биоинформа тики, для решения проблем, стоящих как перед фундamenta льной, так и прикладной наукой.	Не умеет применять современн ые подходы, характерн ые для биоинжен ерии и биоинфор матики, для решения проблем, стоящих как перед фундамен тальной, так и прикладно й наукой.	Посредствен но умеет применять современные подходы, характерные для биоинженери и и биоинформат ики, для решения проблем, стоящих как перед фундamenta льной, так и прикладной наукой.	Умеет применять современные подходы, характерные для биоинженери и и биоинформат ики, для решения проблем, стоящих как перед фундamenta льной, так и прикладной наукой.	Отлично умеет применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатик и, для решения проблем, стоящих как перед фундamentaльн ой, так и прикладной наукой.
	Владеть знаниями и навыками для грамотного анализа большого массива информации по биологическ им объектам.	Не умеет использов ать полученн ые знания и профессио нальные навыки для грамотног о анализа большого	Посредствен но умеет использовать полученные знания и профессиона льные навыки для грамотного анализа большого массива информации	Умеет использовать полученные знания и профессионал ьные навыки для грамотного анализа большого массива информации по	Отлично умеет использовать полученные знания и профессиональ ные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.

		массива информации по биологическим объектам.	по биологическим объектам.	биологическим объектам.	
	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики при выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Не умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, в медико-диагностических исследованиях.	Посредственно умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследований.	Умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследований.	Отлично умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.

4.2. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценивания результатов обучения по учебной дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций.

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине	Оценочные средства Тесты (Т)
ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физикохимических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических	Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; применения физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Какая из перечисленных технологий является основой генетической инженерии: 1) создание рекомбинантных ДНК 2) выделение ДНК из организмов 3) расщепление ДНК на фрагменты 4) выделение хромосом 5) получение плазмид

исследований.		
ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физикохимические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.	Уметь применять знания в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	В качестве вектора для введения чужого гена в животную клетку используют 1) плазмиды агробактерий 2) плазмиды бактерий 3) ДНК хлоропластов и митохондрий 4) вирионы 5) вирус SV-40
ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Под термином «обратная генетика» понимают следующие манипуляции 1) ДНК - РНК - белок - модификация белка - клетка 2) белок - РНК - ДНК - модификация ДНК - клетка 3) РНК - модификация РНК - ДНК - белок 4) клетка - ДНК - РНК - белок - модификация белка
ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.	Знать методики поиска научно-технической информации, литературного и патентного поиска по темам исследования.	Для построения рестрикционной карты необходимо фрагменты ДНК последовательно обработать 1) 1 рестриктазой, затем 2 рестриктазой 2) 1 рестриктазой и смесью 1 и 2 рестриктаз 3) 1 рестриктазой, 2 рестриктазой и их смесью
ПК-1.2. Применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Уметь применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Метод, при котором молекулы разделяются на основе их подвижности в геле под действием электрического поля: 1) гель-электрофорез; 2) спектрофотометрия; 3) полимеразная цепная реакция; 4) флуориметрия
ПК-1.3. Использовать	Владеть знаниями и	Аттенуаторы располагаются

полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	навыками для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	между 1) 1 и 2 структурным геном 2) в конце структурного гена 3) между промотором и 1-м структурным геном 4) между промотором и 2-м структурным геном
ПК-1.5. Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики при выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Полимеразная цепная реакция – это: 1) метод, позволяющий значительно увеличить количество копий (концентрацию) определенного фрагмента ДНК; 2) метод, непосредственно позволяющий расшифровать первичную структуру ДНК; 3) метод, позволяющий проводить экстракцию геномной ДНК из биологических образцов; 4) метод, при котором молекулы разделяются на основе их подвижности в геле под действием электрического поля

5. Учебно-методическое обеспечение учебной дисциплины (модуля)

5.1. Перечень основной и дополнительной литературы, необходимой для освоения учебной дисциплины (модуля)

Основная литература

п/№	Наименование	Автор (ы)	Год, место издания	Кол-во экземпляров	
				в библиотеке	на кафедре
1	2	3	4	5	6
1	Биохимия: учебное пособие	Димитриев А.Д.	М.: Издательско-торговая корпорация "Дашков и К-", 2012. - 168 с.	-	
2	Применение молекулярных методов исследования в генетике: учебное пособие.	Нефедова Л.Н.	М.: ИНФРА-М, 2016. 104 с.	-	
3	Генетика: учебное пособие	Ситников М. Н.,	Нальчик: КБГУ, 2019.	Неограниченный доступ	

		Боготова З. И., Биттуева М. М.	- 119 с.	
4	Общая и медицинская генетика. Задачи: учебное пособие	Азова М. М.	М.: ГЭОТАР-Медиа, 2019. - 160 с.	Неограниченный доступ
5	Геномика с молекулярно-генетическими основами	Попов В.В.	М.: ЛИБРОКОМ, 2009. – 298 с.	-

Дополнительная литература

п/№	Наименование	Автор (ы)	Год, место издания	Кол-во экземпляров	
				в библиотеке	на кафедре
1	2	3	4	5	6
1	Общая и молекулярная генетика	Жимулев И.А.	Новосибирск: Сибирское университетское издание, 2003. - 478 с.	-	
2	Хроматин: упакованный геном	Разин А. А., Быстрицкий С. В.	М.: Бином. Лаборатория знаний, 2009. – 170.	-	
3	Молекулярная биология: учеб. для вузов. – 3-е изд., стер.	Коничев А.С.	М.: Академия, 2008. – 396	-	

5.2. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения учебной дисциплины (модуля)

1. www.studmedlib.ru (Электронно-библиотечная система «Консультант студента» для ВПО)
2. <http://e.lanbook.com> (Электронно-библиотечная система «Лань»)
3. <http://library.bashgmu.ru> (База данных «Электронная учебная библиотека»)

6. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)

Использование учебных комнат и лабораторий для работы обучающихся. Специальная мебель: рабочее место для преподавателя (1 стол, 1 стул); рабочее место для обучающихся (письменные столы (парты), парты на 25 посадочных мест); письменная доска, компьютер, мультимедийный проектор, экран, стенды с учебно-методическими материалами, демонстрационный и справочный материал.

6.1. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)

Таблица

№ п/п	Наименование вида образования, уровня образования, профессии, специальности, направления подготовки (для профессионального образования), подвида дополнительного образования	Наименование объекта, подтверждающего наличие материально-технического обеспечения, с перечнем основного оборудования	Адрес (местоположение) объекта, подтверждающего наличие материально-технического обеспечения, (с указанием номера такого объекта в соответствии с документами по технической инвентаризации)
1	2	3	4
1	Высшее, специалитет, 06.05.01 Биоинформатика и биоинженерия	Учебный корпус № 7 ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России, кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии с: Учебная аудитория № 516 для проведения практических занятий, индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Оборудование: учебная мебель на 25 рабочих мест, рабочее место преподавателя (стол, стул), доска учебная меловая, Автоклав ВК-75 - 2, Весы технически - 1, Стерилизатор воздушный – 2, Термостат – 3, Холодильник 2, Электроплитка -1, Набор сухих питательных сред, Наборы красителей, реактивов, Инструменты и посуда для работы, Ламинарный бокс, Миницентрифуга-вортекс, Оборудование для ПЦР-анализа в «реальном времени» в комплекте, Отсасыватель медицинский, Термошейкер.	450008, Республика Башкортостан, г. Уфа, Кировский р-н, ул. Пушкина, д. 96, корп. 98. Этаж 5. Учебная аудитория № 516

6.2. Современные профессиональные базы данных, информационные справочные системы

1. <http://www.pubmedcentral.nih.gov> - U.S. National Institutes of Health (NIH). Свободный цифровой архив журнальных публикаций по результатам биомедицинских научных исследований.
2. <http://medbiol.ru> - Сайт для образовательных и научных целей.
3. <http://www.biochemistry.org> - Сайт Международного биохимического общества (The International Biochemical Society).
4. <http://www.clinchem.org> - Сайт журнала Clinical Chemistry. Орган Американской ассоциации клинической химии - The American Association for Clinical Chemistry (AACC). (Международное общество, объединяющее

специалистов в области медицины, в сферу профессиональных интересов которых входят: клиническая химия, клиническая лабораторная наука и лабораторная медицина).

5. <http://biomolecula.ru/> - биомолекула - сайт, посвящённый молекулярным основам современной биологии и практическим применениям научных достижений в медицине и биотехнологии.

6. <https://www.merlot.org/merlot/index.htm> - MERLOT - Multimedia Educational Resource for Learning and Online Teaching.

7. www.elibrary.ru - национальная библиографическая база данных научного цитирования (профессиональная база данных)

8. www.scopus.com - крупнейшая в мире единая реферативная база данных (профессиональная база данных)

9. www.pubmed.com - англоязычная текстовая база данных медицинских и биологических публикаций (профессиональная база данных).

6.3. Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства

№ п/п	Наименование	Описание	Кол-во	Поставщик	Где установлено
1.	Права на программу для ЭВМ корпоративная лицензия на специальный набор программных продуктов Microsoft Desktop School ALNG LicSAPk OLVS E 1Y AcademicEdition Enterprase	Операционная система Microsoft Windows + офисный пакет Microsoft Office	200	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры и подразделения Университета
2.	Права на программу для ЭВМ набор веб-сервисов, предоставляющих доступ к различным программам и услугам на основе платформы Microsoft Office для образования Microsoft Office 365 A5 for faculty - Annually	Организация ВКС Microsoft Teams	25	ООО «Софтлайн Трейд»	Лекционные аудитории Кафедры и подразделения Университета
3.	Права на программу для ЭВМ система антивирусной защиты персональных компьютеров Dr.Web Desktop Security Suite Комплексная защита + Центр управления	Антивирусная защита (российское ПО)	1750	ООО «Софтлайн Трейд»	Сервера, кафедры и подразделения Университета
4.	Права на программу для ЭВМ система антивирусной защиты рабочих станций и файловых серверов Kaspersky Endpoint Security для бизнеса – Стандартный Russian Edition. 500-999 Node 1 year Educational Renewal License	Антивирусная защита (российское ПО)	450	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры и подразделения Университета
5.	Права на программу для ЭВМ Офисное программное обеспечение МойОфис Стандартный	Офисный пакет (российское ПО)	120	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры и подразделения Университета
6.	Права на программу для ЭВМ Операционная система для образовательных учреждений Астра Linux Common Edition	Операционная система (российское ПО)	40	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры и подразделения Университета
7.	Права на программу для ЭВМ Система контент-фильтрации SkyDNS	Фильтрация интернет-контента (российское ПО)	1	ООО «Софтлайн Трейд»	Сервер
8.	Права на программу для ЭВМ Система для организации и	Организации веб-	1	ООО «Софтлайн	Сервер

	проведения веб-конференций, вебинаров, мастер-классов Mirapolis Virtual Room	конференций, вебинаров, мастер-классов (российское ПО)		Трейд»	
9.	Права на программу для ЭВМ Система дистанционного обучения Русский Moodle 3KL	Учебный портал (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	«Софтлайн Трейд»	Хостинг на внешнем ресурсе
10.	Права на программу для ЭВМ "АИС «БИТ: Управление вузом»"	Электронный деканат (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО) (российское ПО)	1	Компания «Первый БИТ"	Сервер
11.	Права на программу для ЭВМ «1С-Битрикс: Внутренний портал учебного заведения» (неогр. кол-во пользователей)	Корпоративный портал (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	ООО «ВэбСофт»	Сервер
12.	Права на программу для ЭВМ «1С-Битрикс: Управление сайтом - Эксперт»	Сайт ОО (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	ООО «ВэбСофт»	Хостинг на внешнем ресурсе
13.	Права на программу для ЭВМ «1С-Битрикс: Сайт учебного заведения»		1	ООО «ВэбСофт»	Хостинг на внешнем ресурсе
14.	Права на программу для ЭВМ пакет для статистического анализа Statistica Basic Academic for Windows 12 Russian/12 English	Пакет для статистического анализа данных	10	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедра общественного здоровья и организации здравоохранения
15.	Права на программу для ЭВМ пакет для статистического анализа Statistica Basic Academic for Windows 10 Russian/13 English		11	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедра эпидемиологии – 3 шт., Кафедра патофизиологии – 4 шт., Кафедра эпидемиологии – 3 шт.,

				Кафедра фармакологии – 1 шт.
16.	Права на программу для ЭВМ пакет для статистического анализа Statistica Basic Academic for Windows 13 Russian/13 English	5	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедра нормальной физиологии – 4 шт., Кафедра стоматологии детского возраста и ортодонтии – 1 шт.
	Права на программу для ЭВМ пакет для статистического анализа Statistica Basic Academic for Windows 13 Russian/13 English	75	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедра медицинской физики
	Права на программу для ЭВМ пакет для статистического анализа Statistica Basic Academic for Windows 13 Russian/13 English (сетевая)	50	ООО «Софтлайн Трейд»	Сервер