Національний технічний університет України
«КИЇВСЬКИЙ ПОЛІТЕХНІЧНИЙ ІНСТИТУТ
імені ІГОРЯ СІКОРСЬКОГО»

Емблема кафедри (за наявності)	Кафедра біоенергетики, біоінформатики та екобіотехнології

СТРУКТУРНА І ПОРІВНЯЛЬНА ГЕНОМІКА
Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	*Перший (освітній)*
Галузь знань	16 – Хімічна та біоінженерія
Спеціальність	162 Біотехнології та біоінженерія
Освітня програма	*Біотехнології*
Статус дисципліни	вибіркова
Форма навчання	Денна
Рік підготовки, семестр	3 курс, весінній семестр
Обсяг дисципліни	Загальна кількість 150 год.
Семестровий контроль/ контрольні заходи	Залік/МКР/ДКР
Розклад занять	***Лекції: 2 год./тиждень; практичні: 2 год./тиждень згідно розкладу семестр скорочений***
Мова викладання	Українська
Інформація про керівника курсу / викладачів	Лектор: к.т.н., Дем'яненко Ірина Володимирівна, iryna.demjanenko@gmail.com Практичні: к.т.н., Дем'яненко Ірина Володимирівна, iryna.demjanenko@gmail.com
Розміщення курсу	

Програма навчальної дисципліни

1. Опис навчальної дисципліни, її мета, предмет вивчання та результати навчання

Геноміка – це досить молодий розділ молекулярної геноміки. Він спрямований на вивчення геному всіх біологічних об'єктів, на дослідження еволюції генів, їх просторових структур. Поштовхом для її розвитку став проєкт Human Atlas Project, який стартував 2003 році. Основним інструментом отримання даних для подальшого дослідження секвенування, особливо новітні види повногенномног секвенування. Під час вивчення дисципліни студент отримає знання про новітні типи секвенування, програмні засоби аналізу генетичної інформації, дослідження еволюції білків та дослідження структури генів та білків.

Метою навчальної дисципліни є формування у студентів здатностей: використання інформаційних і комунікаційних технологій; вчитися і оволодівати сучасними знаннями; комплексно аналізувати біологічні та біотехнологічні процеси на молекулярному та клітинному рівнях; використовувати знання про шляхи біосинтезу практично цінних метаболітів для вдосконалення біотехнологій їх одержання.

Програмні результати навчання:

- Вміти виділяти з природних субстратів та ідентифікувати мікроорганізми різних систематичних груп. Визначати морфолого-культуральні та фізіолого-біохімічні властивості різних біологічних агентів;
- Вміти здійснювати базові генетичні та цитологічні дослідження з вдосконалення і підвищення біосинтетичної здатності біологічних агентів з урахуванням принципів біобезпеки, біозахисту та біоетики (індукований мутагенез з використанням фізичних і хімічних мутагенних факторів, відбір та накопичення ауксотрофних мутантів, перенесення генетичної інформації тощо).

- Вміти обґрунтувати вибір біологічного агенту, складу поживного середовища і способу культивування, необхідних допоміжних робіт та основних стадій технологічного процесу;
- Вміти аналізувати біотехнологічні процеси на молекулярному та клітинному рівнях;
- Вміти використовувати знання про шляхи біосинтезу практично цінних метаболітів для вдосконалення біотехнологій їх одержання.

2. Пререквізити та постреквізити дисципліни (місце в структурно-логічній схемі навчання за відповідною освітньою програмою)

Місце в структурно-логічній схемі навчання забезпечується дисциплінами, що вивчалися на попередніх семестрах: «Інформаційні технології», «Біохімія», «Генетика», а також базовий рівень володіння англійською мовою не нижче А2. У структурно-логічній площині програми підготовки бакалаврів з біотехнології дисципліна базується на попередньо вивчених дисциплінах, які створюють фундамент для подальшої дослідницької і практичної діяльності випускників.

3. Зміст навчальної дисципліни

Надається перелік розділів і тем всієї дисципліни.

Тема 1. Основи геноміки

Лекція 1. Основи геноміки

Тема 2. Секвенування, як основний інструмент геноміки

Лекція 2. Секвенування, як основний інструмент геноміки

Лекція 3. Типи секвенаторів

Лекція 4. Повногенномне секвенування

Лекція 5. NSG: високопродуктивне секвенування. Комерційні технології високопродуктивного секвенування

Лекція 6. Технології створення бібліотек фрагментів ДНК для NSG

Лекція 7. Загальні принципи обробки даних NSG, обладнання та програмні рішення.

Лекція 8. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів прокаріот

Лекція 9. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів еукаріот

Тема 3. Порівняльна геноміка

Лекція 10. Порівняльна геноміка

Лекція 11. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей

Лекція 12. Практичне застосування порівняльної геноміки

Лекція 13. Бази даних генів та геномів

Тема 4. Структурна геноміка

Лекція 14. Основи структурної геноміки.

Лекція 15. Методи дослідження тривимірної структури білків.

Лекція 16. Банк даних білків та білкових структур.

Тема 5. Еволюція білків та біоінформаційні методи її дослідження

Лекція 17. Молекулярна еволюція білків, та їх класифікація.

Лекція 18. Швидкість еволюції білків. Еволюційні дистанції.

4. Навчальні матеріали та ресурси

Базова література:

1. Дудна, Дженніфер. Зламати ДНК. Редагування генома та контроль над еволюцією / Дженніфер Дудна, Семюел Стернберґ ; переклала з англійської Ганна Литвиненко. - Київ : Наш Формат, 2019. - 291 сторінка : ілюстрації. https://opac.kpi.ua/F/?func=direct&doc_number=000637618&local_base=KPI01
2. Райх, Девід. Хто ми такі? : Походження людини крізь призму ДНК / Девід Райх ; переклала з англійської Анна Марховська. - Київ : Наш формат, 2019. - 367 сторінок : рисунки, карти, схеми, таблиці. https://opac.kpi.ua/F/?func=direct&doc_number=000605865&local_base=KPI01
3. Молекулярна генетика та технології дослідження генома : навчальний посібник / М.І. Гиль, О.Ю. Сметана, О.І. Юлевич, Є.В. Баркарь [та 4 інших] ; за редакцією М.І. Гиль. - Херсон : ОЛДІ-ПЛЮС, 2019. - 318 сторінок : рисунки, таблиці. https://opac.kpi.ua/F/?func=direct&doc_number=000634490&local_base=KPI01
4. Півень, Оксана Олександрівна. Сучасні інструменти редагування геному з основами молекулярної генетики : навчальний посібник / О.О. Півень, З.М. Скоробогатова ; Національна академія наук України, Інститут молекулярної біології і генетики, Інститут фізико-органічної хімії і вуглехімії ім. Л.М. Литвиненка. - Київ : Біокомпозит, 2021. - 176 сторінок : рисунки, таблиці, схеми (переважно кольорові) https://opac.kpi.ua/F/?func=direct&doc_number=000635494&local_base=KPI01
5. Соберон Майнеро, Франсіско Хав'єр. Однакові чи різні? : геноміка / Франсіско Хав'єр Соберон Майнеро, Моніка Берґна ; ілюстрації Марії Елени Вальдес ; з іспанської переклав Сергій Борщевський. - Львів : Видавництво Старого Лева, 2019. - 67 сторінок : кольорові ілюстрації. https://opac.kpi.ua/F/?func=direct&doc_number=000604369&local_base=KPI01

Інформаційні джерела

1. https://web.expasy.org/translate/
2. http://www.genomicepidemiology.org/
3. https://proteins.plus/help/tutorial

Навчальний контент

5. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

1	2
	Тема 1. Основи геноміки
1	Лекція 1. Геноміки. Становлення геноміки. Розділи геноміки. Базова: [5]
	Тема 2. Секвенування, як основний інструмент геноміки
2	Лекція 2. Секвенування, як основний інструмент геноміки Базова: [3]
3	Лекція 3. Типи секвенаторів Базова: [3]
4	Лекція 4. Повногенномне секвенування Базова: [3]
5	Лекція 5. NSG: високопродуктивне секвенування. Комерційні технології високопродуктивного секвенування

	Базова: [4]
6	Лекція 6. Технології створення бібліотек фрагментів ДНК для NSG Базова: [4]
7	Лекція 7. Загальні принципи обробки даних NSG, обладнання та програмні рішення. Базова: [3]
8	Лекція 8. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів прокаріот Базова: [4]
9	Лекція 9. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів еукаріот Базова: [3]
	Тема 3. Порівняльна геноміка
10	Лекція 10. Порівняльна геноміка Базова: [2]
11	Лекція 11. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей Інформаційні джерела: [2]
12	Лекція 12. Практичне застосування порівняльної геноміки Базова: [2]
13	Лекція 13. Бази даних генів та геномів Базова: [3]
	Тема 4. Структурна геноміка
14	Лекція 14. Основи структурної геноміки. Базова: [5]
15	Лекція 15. Методи дослідження тривимірної структури білків. Базова: [3]
16	Лекція 16. Банк даних білків та білкових структур. Базова: [2]
	Тема 5. Еволюція білків та біоінформаційні методи її дослідження
17	Лекція 17. Молекулярна еволюція білків, та їх класифікація. Базова: [1]
18	Лекція 18. Швидкість еволюції білків. Еволюційні дистанції. Базова: [1]

Практичні заняття

1.	2
1.	***Практична робота 1*** Робота в програмі EXPASY за різних параметрів Інформаційні джерела: [1]
2.	***Практична робота 2*** ResFinder. Ідентифікація набутих генів стійкості до антибіотиків. Інформаційні джерела: [2]
3.	***Практична робота 3*** KmerFinder. Прогнозування видів бактерій за допомогою швидкого алгоритму K-mer. Інформаційні джерела: [2]

4.	***Практична робота 4*** ***MLST*** Багатолокусне типування послідовності зі зібраного геному або з набору зчитувань. Інформаційні джерела: [2]
5.	***Практична робота 5*** ***PlasmidFinder*** PlasmidFinder ідентифікує плазміди в повністю або частково секвенованих ізолятах бактерій**.** Інформаційні джерела: [2]
6.	***Практична робота 6*** ***SeroTypeFinder*** Прогнозування серотипів у повністю або частково секвенованих ізолятах E. coli. Інформаційні джерела: [2]
7.	***Практична робота 7*** ***SeqSero*** SeqSero передбачає серотип сальмонели у попередньо зібраних або необроблених даних послідовності зчитування, наданих службі . Інформаційні джерела: [2]
8.	***Практична робота 8*** ***KmerResistance*** Ідентифікація набутих генів стійкості до антибіотиків за допомогою Kmers . Інформаційні джерела: [2]
9.	***Практична робота 9*** ***Робота в програмі ProteinsPlus*** Інформаційні джерела: [3]
10.	***Практична робота 10*** ***Робота в програмі ProteinsPlus*** Інформаційні джерела: [3]
11.	***Практична робота 11*** ***Робота в програмі ProteinsPlus*** Інформаційні джерела: [3]
12.	***Практична робота 12*** ***Робота в програмі ProteinsPlus*** Інформаційні джерела: [3]
13.	***Практична робота 13*** ***Робота в програмі ProteinsPlus*** Інформаційні джерела: [3]
14	***Практична робота 14*** Робота в програмі Protein plus Інформаційні джерела: [3]
15	***Практична робота 15.*** Робота в програмі Protein plus Інформаційні джерела: [3]
16	***Практична робота 16.*** Робота в програмі Protein plus Інформаційні джерела: [3]
17	***Практична робота 17*** Модульна контрольна робота

18	***Практична робота 18.*** Залік.

6. Самостійна робота студента/аспіранта

Самостійна робота студента по дисципліні включає підготовку до аудиторних занять (32 години), модульної контрольної (4 години), підготовка до заліку (6 годин), написання домашньої контрольної роботи (10 год) та самостійну підготовку деяких тем ().

В якості самостійної роботи обрано підготовку до аудиторних занять за наступними темами:

№	СРС	Кількість годин
1	Еволюційна геноміка	9
2	Моделювання білкових структур	9
3	Рівень геномних досліджень в Україні	8

Політика та контроль

7. Політика навчальної дисципліни (освітнього компонента)

Вивчення дисципліни «Структурна і порівняльна геноміка» відбувається на лекційних та практичних заняттях. Наочність навчальних занять забезпечується використанням значної кількості ілюстративного матеріалу (схем, таблиць, слайдів). Під час викладання даної дисципліни викладач проводить опитування здобувачів для того, щоб визначити рівень засвоєння ними викладеного матеріалу, важливим є активність здобувачів. Практичні заняття проходять з використанням комп'ютерної техніки та відповідного програмного забезпечення.

Зазначається система вимог, які викладач ставить перед студентом/аспірантом:

- *правила відвідування занять (як лекцій, так і практичних/лабораторних);*
  Відвідування лекцій, практичних занять та лабораторних робіт, а також відсутність на них, не оцінюється. Однак, студентам рекомендується відвідувати заняття, оскільки на них викладається теоретичний матеріал та розвиваються навички, необхідні для формування компетентностей, визначених стандартом освіти. Система оцінювання орієнтована на отримання балів за активність студента, а також виконання завдань, які здатні розвинути практичні уміння та навички. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, працевлаштування, міжнародне стажування тощо) навчання може відбуватися в он-лайн формі за погодженням із керівником курсу.
- *правила поведінки на заняттях (активність, підготовка коротких доповідей чи текстів, відключення телефонів, використання засобів зв'язку для пошуку інформації на гугл-диску викладача чи в інтернеті тощо);*
  На аудиторних заняттях студент має поважати викладача та дисципліну, що він слухає; Виконувати елементарні правила та норми поведінки; Протягом заняття забороняється користуватися мобільними телефонами, окрім екстрених випадків. Норми етичної поведінки студентів і працівників визначені у розділі 2 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: https://kpi.ua/code.
- *правила призначення заохочувальних та штрафних балів;*
  не передбачено РСО
- *політика дедлайнів та перескладань;*
  Термін здачі кожного виду роботи обговорюється на занятті під час видачі завдання та залежить від типу роботи. Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання тем (модулів) відбувається за наявності поважних причин.
- *політика щодо академічної доброчесності;*

визначені у розділі 3 Кодексу честі Національного технічного університету України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського». Детальніше: https://kpi.ua/code. Використання додаткових джерел інформації під час оцінювання знань заборонено (у т.ч. мобільних девайсів). Мобільні пристрої дозволяється використовувати лише під час он-лайн тестування та виконання розрахунків.

інші вимоги, що не суперечать законодавству України та нормативним документам Університету.

8. Види контролю та рейтингова система оцінювання результатів навчання (РСО)

Поточний контроль: виконання практичних робіт (80 балів), ДКР (10 балів) та МКР(10 балів). Докладніша інформація щодо поточного контролю та критеріїв оцінювання наведена в РСО з дисципліни. (Додаток 1).

Календарний контроль: проводиться двічі на семестр як моніторинг поточного стану виконання вимог силабусу.

Семестровий контроль: залік. Загальна сума балів на заліку – 100 балів. Докладніша інформація щодо проведення та оцінювання наведена в РСО з дисципліни.

Умови допуску до семестрового контролю: семестровий рейтинг від не нижче 50 балів, написання МКР та захист усіх практичних робіт.

9. Додаткова інформація з дисципліни (освітнього компонента)

Додаток 1

Система рейтингових (вагових) балів занять і рейтингових оцінок по видах контролю за рік

№ п/п	Вид контролю	Бал	Кількість	Сума балів
1	Модульна контрольна робота			
	-ваговий бал r_k	10	1	10
	- якість виконання**	0-10		
2.	Виконання практичних робіт			
	- ваговий бал r_{k**}	5	16	80
	-якість виконання	0-5		
3.	Домашня контрольна робота			
	-ваговий бал r_k	10	1	10
	- якість виконання***	0-10		
4.				100

* - Якість виконання модульної контрольної роботи. :
повна розкрита відповідь -9,5-10 балів ;
помилка в одному завданні або неповна відповідь в двох завданнях -7,5-9 балів ;
помилка в двох завдань або неповна відповідь в 4 завданнях - 6-7 балів;
робота не зарахована - 0 -5,5 балів.

** - Якість виконання практичних робіт:
бездоганна робота – 4,5-5 балів;
є певні недоліки у підготовці та/або виконанні роботи – 3,5-4 бали;
є суттєві недоліки у підготовці та/або виконанні роботи – 2,5-3 бали;
Робота не виконана або не захищена – 0-2 балів.

*** - Якість виконання домашньої контрольної роботи:
Домашня контрольна робота складається з 20 тестових питань представлених в GoogleClass.
вірна відповідь – 1 бали;

не вірна відповідь – 0 балів;

робота зарахована – 12 - 20 балів;
робота не зарахована – 0 -11 балів.

Розрахунок шкали (R) рейтингу

Сума вагових балів контрольних заходів протягом семестру складає:

R = 80+10+10 = 100 балів:

Рейтингова шкала з дисципліни складає R = 100 балів;

Необхідною умовою для одержання заліку автоматом є зарахування усіх пропозицій, що виносяться на обговорення виконання на позитивну оцінку модульної контрольної роботи та загальний рейтинг більше 60 балів. Для підвищення оцінки проводиться залікова робота. Попередній рейтинг анулюється.

***Календарний контроль**: проводиться двічі на семестр як моніторинг поточного стану виконання вимог силабусу.*

Рубіжні (планові атестації). Студент повинен набрати балів:: 1 атестація – «зараховано» - 20 балів (40 – максимум), 2 атестація – 40 балів (80 – максимум).

Підсумкова оцінка якості знань з дисципліни визначаються за традиційною 6-рівневою шкалою на базі індивідуальних поточних оцінок за такою шкалою:

Рейтинг	Традиційна оцінка
95≤R<100	Відмінно
85≤ R<95	Дуже добре
75 ≤R<85	Добре
65≤ R<75	Задовільно
60≤R <65	Достатньо
R<60	Незадовільно

***Семестровий контроль**: залік. Загальна сума балів заліку – 100 балів. Умови допуску до семестрового контролю: семестровий рейтинг не менше 50 балів, написання МКР та виконання практичних робіт.*

Заліковий білет складається з 10 питань, 1 питання оцінюється у 10 балів.

Повна відповідь на питання – (10) балів

Зроблені незначні помилки – (8-9) балів

Суттєві помилки у відповіді – (7-6) балів

Відповіді не вірні – (0-5) бали.

Таблиця відповідності рейтингових балів оцінкам за університетською шкалою:

Кількість балів	*Оцінка*
100-95	Відмінно
94-85	Дуже добре
84-75	Добре
74-65	Задовільно
64-60	Достатньо
Менше 60	Незадовільно

Питання до контрольної роботи з курсу «Структурна і порівняльна геноміка»

1. Що таке геноміка? Етапи розвитку геноміки
2. Назвіть підрозділи на які ділиться геноміка та охарактеризуйте кожен
3. Що вивчає геноміка?
4. Дайте характеристику методу секвенування
5. Типи секвенаторів
6. Секвенування Сенгера
7. Повногеномне секвенування

8. Піросеквенування
9. Високопродуктивне секвенування.
10. Комерційні технології високопродуктивного секвенування
11. Протокол секвенування
12. Технології створення бібліотек фрагментів ДНК для NSG
13. Методи генотипування
14. Дайте характеристику методу ResFinder
15. Дайте характеристику методу EXPASY
16. Дайте характеристику методу KmerFinder
17. Дайте характеристику методу MLST
18. Дайте характеристику методу PlasmidFinder
19. Дайте характеристику методу SeroTypeFinder
20. Дайте характеристику методу SeqSero
21. Дайте характеристику методу KmerResistance
22. Дайте характеристику методу Protein plus
23. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів прокаріот
24. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів еукаріот
25. Порівняльна геноміка
26. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей BLAST
27. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей Cobalt
28. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей UniProt
29. Практичне застосування порівняльної геноміки
30. Бази даних GeneBank
31. База даних SRA
32. Дати загальну характеристику структурній геноміці
33. Методи передбачення тривимірної структури бідку
34. Методи дослідження тривимірної структури білку
35. Бази даних тривимірних структур білків
36. Порівняння тривимірних структур білків
37. Банк даних білків
38. Бази даних білков структур
39. Основні поняття еволюційної генетики
40. Біоінформаційні методи дослідження еволюції білків
41. Класифікація молекулярної еволюції
42. Розрахунок швидкості еволюції білків.
43. Еволюційна дистанція

Питання на залік

1. Що таке геноміка? Етапи розвитку геноміки
2. Назвіть підрозділи на які ділиться геноміка та охарактеризуйте кожен
3. Що вивчає геноміка?
4. Дайте характеристику методу секвенування
5. Типи секвенаторів
6. Секвенування Сенгера
7. Повногеномне секвенування
8. Піросеквенування
9. Високопродуктивне секвенування.
10. Комерційні технології високопродуктивного секвенування
11. Протокол секвенування
12. Технології створення бібліотек фрагментів ДНК для NSG
13. Методи генотипування
14. Дайте характеристику методу ResFinder
15. Дайте характеристику методу EXPASY
16. Дайте характеристику методу KmerFinder
17. Дайте характеристику методу MLST

18. Дайте характеристику методу PlasmidFinder
19. Дайте характеристику методу SeroTypeFinder
20. Дайте характеристику методу SeqSero
21. Дайте характеристику методу KmerResistance
22. Дайте характеристику методу Protein plus
23. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів прокаріот
24. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів еукаріот
25. Порівняльна геноміка
26. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей BLAST
27. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей Cobalt
28. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей UniProt
29. Практичне застосування порівняльної геноміки
30. Бази даних GeneBank
31. База даних SRA
32. Дати загальну характеристику структурній геноміці
33. Методи передбачення тривимірної структури бідку
34. Методи дослідження тривимірної структури білку
35. Бази даних тривимірних структур білків
36. Порівняння тривимірних структур білків
37. Банк даних білків
38. Бази даних білков структур
39. Основні поняття еволюційної генетики
40. Біоінформаційні методи дослідження еволюції білків
41. Класифікація молекулярної еволюції
42. Розрахунок швидкості еволюції білків.
43. Еволюційна дистанція

Завдання на ДКР

Студент на основі набутих протягом курсу знань провести біоінформаційне дослідження наданої послідовності згідно варіанту. В результаті своєї роботи він/вона мають знайти відповіді на наступні питання:

1. Що це за мікроорганізм?
2. До якого серотипу він належить?
3. Чи містить він плазміду?
4. До яких антибіотиків він має резистентність

Робочу програму навчальної дисципліни (силабус):

Складено: асистент кафедри біоенергетики, біоінформатики та екобіотехнології, к.т.н. Дем'яненко І.В.

Ухвалено: кафедрою біоенергетики, біоінформатики та екобіотехнології ФБТ (протокол № 15 від 29.06.2022 р.)

Погоджено: Методичною комісією факультету біотехнології і біотехніки (протокол № 9 від 30.06.2022 р.)