



СТРУКТУРНА І ПОРІВНЯЛЬНА ГЕНОМІКА Робоча програма навчальної дисципліни (Силабус)

Реквізити навчальної дисципліни

Рівень вищої освіти	<i>Перший (освітній)</i>
Галузь знань	16 – Хімічна та біоінженерія
Спеціальність	162 Біотехнології та біоінженерія
Освітня програма	<i>Біотехнології</i>
Статус дисципліни	вибіркова
Форма навчання	Денна
Рік підготовки, семестр	3 курс, весінний семестр
Обсяг дисципліни	4 кредити (120 год.), в т.ч. лекцій – 36 год., практичних – 36 годин, лабораторних – 0 годин, СРС – 48 год.
Семестровий контроль/ контрольні заходи	Залік/МКР/ДКР
Розклад занять	На сайтах http://roz.kpi.ua та https://schedule.kpi.ua
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 вивчення 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 повногеномног 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. Типи секвенаторів

Лекція 3. Типи ПЛР

Лекція 4. Види праймерів та їх дизайн.

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 прокариот

Лекція 9. Секвенування індивідуальних геномів та транскриптомів еукаріот

Тема 3. Порівняльна геноміка

Лекція 10. Порівняльна геноміка. Практичне застосування порівняльної геноміки

Лекція 11. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей

Лекція 12. Бази даних генів та геномів

Тема 4. Структурна геноміка

Лекція 13. Основи структурної геноміки. Методи дослідження тривимірної структури білків.

Лекція 14. Банк даних білків та білкових структур.

Тема 5. Молекулярне моделювання

Лекція 15. Становлення молекулярної динаміки

Лекція 16. Молекулярне моделювання

Лекція 17. Силкові поля

Лекція 18. Молекулярний докінг

4. Навчальні матеріали та ресурси

Базова література:

1. Дудна, Дженніфер. Зламати ДНК. Редагування генома та контроль над еволюцією / Дженніфер Дудна, Семюел Стернберг ; 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. Баркар [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 : Біокомполіт, 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 Бергна ; 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>
4. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>
5. <https://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>
6. <https://eu.idtdna.com/pages/tools/primerquest>

Навчальний контент

5. Методика опанування навчальної дисципліни (освітнього компонента)

1	2
	<i>Тема 1. Основи геноміки</i>
1	Лекція 1. Геноміки. Становлення геноміки. Розділи геноміки. Базова: [5]
	<i>Тема 2. Секвенування, як основний інструмент геноміки</i>
2	Лекція 2. Секвенування, як основний інструмент геноміки Базова: [3]
3	Лекція 3. Типи ПЛР Базова: [3]
4	Лекція 4. Види праймерів та їх дизайн.

	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]
	<i>Тема 3. Порівняльна геноміка</i>
10	Лекція 10. Порівняльна геноміка. Практичне застосування порівняльної геноміки Базова: [2]
11	Лекція 11. Програмні засоби для вирівнювання послідовностей Інформаційні джерела: [2]
12	Лекція 12. Бази даних генів та геномів Базова: [2]
	<i>Тема 4. Структурна геноміка</i>
13	Лекція 13. Основи структурної геноміки. Методи дослідження тривимірної структури білків. Базова: [3]
14	Лекція 14. Банк даних білків та білкових структур. Базова: [5]
	<i>Тема 5. Молекулярне моделювання</i>
15	Лекція 15. Становлення молекулярної динаміки Базова: [3]
16	Лекція 16. Молекулярне моделювання Базова: [2]
17	Лекція 17. Силові поля Базова: [1]
18	Лекція 18. Молекулярний докінг 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 плазмиди 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 Вирівнювання амінокислотних послідовностей за допомогою пошукової системи BLAST та VAST+ в NCBI Інформаційні джерела: [4]
14	Практична робота 14 Порівняння 3Д структур білків методами Biopython Інформаційні джерела: [5]
15	Практична робота 15. Робота з пакетом dendropy Інформаційні джерела: [6]

16	Практична робота 16. Робота з пакетом dendropy (продовження) 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 оцінюються. 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.

У випадку виявлення академічної недоброчесності (плагіату в ІСЗ, списування при виконанні МКР або залікової роботи тощо):

- роботу необхідно переробити/переписати;
- максимальний бал за роботу буде знижено на 20%;
- термін на повторне виконання роботи оговорюється окремо та залежить від виду роботи.

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

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

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

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

Семестровий контроль: залік. Загальна сума балів на заліку – 100 балів. Докладніша інформація щодо проведення та оцінювання наведена в PCO 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 Γ_k	10	1	10
	- якість виконання**	0-10		
2.	Виконання практичних робіт			
	- ваговий бал Γ_k^{**}	5	16	80
	-якість виконання	0-5		
3.	Домашня контрольна робота			
	-ваговий бал Γ_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:**

бездоганна робота

– 9,5-10 балів;

є певні недоліки у підготовці та/або виконанні роботи

– 7,5-9 бали;

є суттєві недоліки у підготовці та/або виконанні роботи

– 6-7 бали;

Робота не виконана або не захищена

– 0-5 балів.

Розрахунок шкали (R) рейтингу

Сума вагових балів контрольних заходів протягом семестру складає:

$$R = 80+10+10 = 100 \text{ балів};$$

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 програми.

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
$95 \leq R < 100$	Відмінно
$85 \leq R < 95$	Дуже добре
$75 \leq R < 85$	Добре
$65 \leq R < 75$	Задовільно
$60 \leq R < 65$	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 вивчає структурна геноміка?
 2. Якими біологічними базами даних найчастіше користуються геноміки?
 3. Дайте характеристику бібліотеці Dendropy
 4. Чим відрізняється молекулярне моделювання від молекулярної динаміки?
 5. Які методи python треба використовувати при роботі з 3D структурою білків?
 6. Які історичні події сприяли становленню методів молекулярної динаміки?
 7. Опишіть метод нанопорового секвенування ДНК
 8. Опишіть метод піросеквенування ДНК
 9. Які переваги та недоліки платформи Illumina?
 10. Які переваги та недоліки платформи 454 Life?
 11. Поясніть різницю між секвенуванням по Санглеру та Максом-Гібертом? І чому ми все ще користуємося цими методами?
 12. Чим би ви користувалися для визначення генів резистентності до дії антибіотиків у мікроорганізмів?
 13. Яка різниця між інструментами SeroTypeFinder та SeqSero?
 14. Опишіть яким інструментом\ами Protein+ необхідно підготовувати структуру для подальшого докінгу.
 15. Опишіть принцип дії KmerFinder
 16. Опишіть протокол секвенування
 17. Чим відрізняється секвенування прокариот та еукаріот?
 18. На які типи поділяється структурне моделювання білку?
 19. Що необхідно для гомологічного моделювання?
 20. Що таке моделювання від перших принципів?
 21. Опишіть основні етапи моделювання структури білку.
 22. Що таке метод Монте-Карло?
 23. Дайте загальну характеристику одному силовому полю, яке використовують при моделюванні.
 24. Які білкові бази даних вам відомі? Опишіть одну з них детально.
 25. Які бази даних генів ви знаєте? Опишіть одну з них детально.
 26. Які є типи білкових баз даних. Коротко охарактеризуйте кожний.
 27. Дайте характеристику методу Protein plus
 28. Що вивчає структурна геноміка?
 29. Які є основні етапи технології створення бібліотек фрагментів ДНК для NSG?
 30. Дайте характеристику методу MLST
 31. Дайте характеристику методу KmerResistance
 32. Дайте характеристику методу SeqSero
 33. Дайте характеристику методу PlasmidFinder
 34. Дайте характеристику методу SeroTypeFinder

Питання на залік

1. Що вивчає структурна геноміка?

2. Якими біологічними базами даних найчастіше користуються геноміки?
3. Дайте характеристику бібліотеці Dendropy
4. Чим відрізняється молекулярне моделювання від молекулярної динаміки?
5. Які методи python треба використовувати при роботі з 3D структурою білків?
6. Які історичні події сприяли становленню методів молекулярної динаміки?
7. Опишіть метод нанопорового секвенування ДНК
8. Опишіть метод піросеквенування ДНК
9. Які переваги та недоліки платформи Illumina?
10. Які переваги та недоліки платформи 454 Life?
11. Поясніть різницю між секвенуванням по Санглеру та Максом-Гібертом? І чому ми все ще користуємося цими методами?
12. Чим би ви користувалися для визначення генів резистентності до дії антибіотиків у мікроорганізмів?
13. Яка різниця між інструментами SeroTypeFinder та SeqSero?
14. Опишіть яким інструментом\ами Protein+ необхідно підготувати структуру для подальшого докінгу.
15. Опишіть принцип дії KmerFinder
16. Опишіть протокол секвенування
17. Чим відрізняється секвенування прокаріот та еукаріот?
18. На які типи поділяється структурне моделювання білку?
19. Що необхідно для гомологічного моделювання?
20. Що таке моделювання від перших принципів?
21. Опишіть основні етапи моделювання структури білку.
22. Що таке метод Монте-Карло?
23. Дайте загальну характеристику одному силовому полю, яке використовують при моделюванні.
24. Які білкові бази даних вам відомі? Опишіть одну з них детально.
25. Які бази даних генів ви знаєте? Опишіть одну з них детально.
26. Які є типи білкових баз даних. Коротко охарактеризуйте кожний.
27. Дайте характеристику методу Protein plus
28. Що вивчає структурна геноміка?
29. Які є основні етапи технології створення бібліотек фрагментів ДНК для NSG?
30. Дайте характеристику методу MLST
31. Дайте характеристику методу KmerResistance
32. Дайте характеристику методу SeqSero
33. Дайте характеристику методу PlasmidFinder
34. Дайте характеристику методу SeroTypeFinder

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 плазмиду?
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 14 від 27.05.24 р.)

Погоджено

Методичною комісією факультету біотехнології і біотехніки (протокол №19 від 28.06.2024)