

КИЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
ІМЕНІ ТАРАСА ШЕВЧЕНКА

ННЦ "Інститут біології та медицини"

Кафедра біохімії



РОБОЧА ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

ГЕНОМІКА

для здобувачів освіти

галузь знань	G «Інженерія, виробництво та будівництво»
спеціальність	G21 «Біотехнології та біоінженерія»
освітній ступінь	«Магістр»
освітня програма	«Біотехнологія»
вид дисципліни	обов'язкова

Форма здобуття освіти	<u>денна</u>
Навчальний рік	<u>2025/2026</u>
Семестр	I
Кількість кредитів ECTS	4
Мова викладання, навчання та оцінювання	<u>українська</u>
Форма заключного контролю	<u>іспит</u>

Викладач: академік НАНУ, проф. Я.Б. Блюм

Пролонговано: на 20__/20__ н.р. _____ (_____) «__» 20__ р.
(підпис, ПІБ, дата)

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

(підпис, ПІБ, дата)

КИЇВ – 2025

Розробники: Блюм Я.Б., директор ДУ «ІХБГ НАН України», зав. відділом геноміки та молекулярної біотехнології, д-р біол. наук, академік НАНУ, професор

Пірко Я.В., вчений секретар інституту ДУ «ІХБГ НАН України», зав. лаб. популяційної генетики, д-р біол. наук, ст. наук. співробітник.

ЗАТВЕРДЖЕНО

Зав. кафедри біохімії

(підпис) Олексій САВЧУК

Протокол № 32 від «28» травня 2025 р.

Схвалено науково-методичною комісією

ННЦ «Інститут біології та медицини»

Київського національного університету імені Тараса Шевченка

Протокол від «24» червня 2025 року за № 9

Голова науково-методичної комісії _____ Тетяна ШЕВЧЕНКО

«24» червня 2025 року

1. Мета дисципліни – ознайомити студентів з сучасними методами отримання та аналізу рекомбінантних ДНК, з фізичною організацією геномів (як генетичний матеріал організований в хромосоми, розташування генів в хромосомах) і надати інформацію про функціонування генів і геномів (функціональну геноміку), а також методи дослідження геномів.

2. Попередні вимоги до опанування або вибору навчальної дисципліни:

- 1. Успішне опанування курсів ОР "Бакалавр".*
- 2. Вміти виконувати лабораторні та практичні роботи, працювати з науково-методичною літературою.*
- 3. Володіти елементарними навичками роботи з матеріалами та обладнанням, що використовуються в біологічній та біотехнологічній лабораторіях.*

3. Анотація навчальної дисципліни:

«Геноміка» охоплює вивчення сучасних методів отримання та аналізу рекомбінантних ДНК, клонування специфічних генів та використання клонованої ДНК, секвенування ДНК, ПЛР, картування геному, використання ДНК маркерів, геномних карт в генетичному аналізі, а також надає інформацію про фізичну організацію цілих геномів, функціональну геноміку, яка характеризує продукти генної експресії (протеом та ін.).

4. Завдання (навчальні цілі):

- сформувати у здобувачів освіти уявлення про основні методи функціональної геноміки, можливості та методи отримання та аналізу рекомбінантних ДНК;
- ознайомити здобувачів освіти з клонуванням специфічних генів та використанням клонованої ДНК;
- дати здобувачам освіти уявлення про фізичне картування геномів, створення хромосом-специфічних бібліотек ДНК та використання геномних карт в генетичному аналізі.

Згідно з вимогами Стандарту вищої освіти України та тимчасового стандарту КНУ імені Тараса Шевченка (другий (магістерський) рівень вищої освіти (7 рівень НРК України), галузь знань 6 Інженерія, виробництво та будівництво) дисципліна забезпечує набуття студентами наступних компетентностей:

інтегральної:

Здатність розв'язувати задачі дослідницького або інноваційного характеру у галузі біотехнологій та біоінженерії.

загальних:

ЗК1. Здатність проводити дослідження на відповідному рівні.

фахових:

ФК7. Здатність розробляти та вдосконалювати комплексні біотехнології на основі розуміння наукових сучасних фактів, концепцій, теорій, принципів і методів біоінженерії та природничих наук.

ФК9. Здатність застосовувати сучасні методи системного аналізу для дослідження та створення ефективних біотехнологічних процесів.

5. Результати навчання за дисципліною:

Результат навчання (1. знати; 2. вміти; 3. комунікація; 4. автономність та відповідальність)		Форми (та/або методи і технології) викладання і навчання	Методи оцінювання та пороговий критерій оцінювання	Відсоток у підсумковій оцінці з дисципліни
Код	Результат навчання			
1.1	Знати терміни, поняття та методи, що використовуються у геноміці, природу та структуру окремих генів та геномів, молекулярні основи мутацій та хромосомних перебудов, сучасні методи мутаційного аналізу, принципи роботи, створення та застосування технології отримання рекомбінантних ДНК, основи генної терапії, Використання рекомбінантних ДНК для прямого виявлення алелей, що відповідають за виникнення захворювань.	Лекції, практичні роботи, самостійна робота	Модульна контрольна робота Іспит	20
1.2	Знати принципи розробки проектно-конструкторських рішень для геномних досліджень	Лекції, практичні роботи, самостійна робота	Модульна контрольна робота Іспит	20
1.3	Знати основні принципи регуляції генів в процесі індивідуального розвитку організму, взаємодії генів з використанням супресорного аналізу та за допомогою дріжджової двогібридної системи, принцип роботи ДНК-чипів, основні засади протеомного аналізу.	Лекції, практичні роботи, самостійна робота	Модульна контрольна робота Іспит	20
2.1	Вміти здійснювати техніко-економічні розрахунки отримання геномних структур різної організації.	Практичні роботи	Звіт по практичним роботам	10

2.2	Вміти встановлювати екзон-інтронну структуру генів за допомогою біоінформаційних ресурсів, здійснювати підбір праймерів до певних ділянок генів для подальшої їх ампліфікації (на прикладі програм Primer 3 express, Fast PCR та інших); проводити виділення тотальної РНК, здійснювати синтез кДНК з РНК за допомогою зворотної транскрипції (RT PCR), здійснювати дизайн праймерів та флюорисцентних зондів для оцінки рівня експресії за допомогою Taq Man методики (на прикладі генів, що кодують тубуліни тютюну), проводити блот гібридизацію.	Практичні роботи	Звіт по практичним роботам	10
2.3	Вміти проводити оцінку експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням Taq Man методики та SYBR-green, здійснювати нозерн, вестерн, саузерн блотінг.	Практичні роботи	Звіт по практичним роботам	10
4.1	Самостійно вивчати наукову літературу та обирати молекулярні методи вирішення певної дослідницької задачі.	Самостійна робота	Контрольна робота	10

6. Співвідношення результатів навчання дисципліни із програмними результатами навчання

Результати навчання дисципліни	1.1	1.2	1.3	2.1	2.2	2.3	4.1
Програмні результати навчання							
ПРН3. Здійснювати техніко-економічні розрахунки проєктно-конструкторських рішень та аналізувати та оцінювати їх ефективність, екологічні та соціальні наслідки на коротко- та довгострокову перспективу.		+		+		+	+
ПРН5. Знати молекулярну організацію та регуляцію експресії генів, реплікації, рекомбінації та репарації, рестрикції та модифікації генетичного матеріалу у про- та еукаріотів, стратегію створення рекомбінантних ДНК для цілеспрямованого конструювання біологічних агентів.	+	+	+		+	+	
ПРН6. Знати та оцінювати основні методичні прийоми культивування еукаріотичних клітин тваринного та рослинного походження, розробляти нові технології їх застосування у наукових цілях, медицині, сільському господарстві тощо.		+		+	+	+	
ПРН7. Мати навички виділення, ідентифікації, зберігання, культивування, іммобілізації біологічних агентів, здійснювати оптимізацію поживних середовищ, обирати оптимальні методи аналізу, виділення та очищення цільового продукту, використовуючи сучасні біотехнологічні методи та прийоми, притаманні певному напрямку біотехнології.	+	+		+	+	+	+
ПРН8. Планувати та управляти науково-дослідними, науково-технічними або виробничими проєктами у галузі біотехнології, базуючись на сучасних тенденціях розвитку науки, техніки та суспільства.				+		+	+
ПРН9. Вміти розробляти, обґрунтовувати та застосовувати методи та засоби захисту людини та навколишнього середовища від небезпечних факторів техногенного та біологічного походження.				+		+	+
ПРН10. Упроваджувати найбільш ефективні біотехнологічні методи та прийоми у практичну виробничу діяльність на основі оцінки ефективності передових біотехнологій та врахування загальних тенденцій розвитку новітніх біотехнологій у провідних країнах.		+		+		+	+
ПРН19. Оцінювати актуальність досліджуваних наукових проблем, придатність відомих наукових методів для їх дослідження на основі аналізу наявних даних та публікацій у провідних виданнях.							+
ПРН20. Здійснювати змістову постановку задач оптимізації в галузі біотехнології та біоінженерії, їх формалізацію, обирати придатні методи розв'язання таких задач і отримувати їх розв'язки із заданим ступенем точності.	+		+		+	+	+
ПРН21. Мати навички планування та виконання експериментальних досліджень як особисто, так і у колективі, критичного аналізу отриманих результатів; оформлення результатів досліджень у вигляді звіту, наукової публікації, презентації на наукових та інших заходах.							+

7. Схема формування оцінки

7.1 Форми оцінювання студентів:

- семестрове оцінювання:

1. Модульна контрольна робота 1: РН 1.1 – 15 балів/7,5 балів
2. Модульна контрольна робота 2: РН 1.2 – 15 балів/7,5 балів
3. Модульна контрольна робота 3: РН 1.3 – 10 балів/5 балів
4. Практичні заняття (звіти): РН 2.1, 2.2, 2.3 – 15 балів/7,5 балів
5. Контрольна робота: РН 4.1 – 5 балів/2,5 балів

- підсумкове оцінювання: у формі іспиту

Підсумкова оцінка з освітнього компонента в цілому, підсумковою формою контролю за яким встановлено іспит, визначається як сума оцінок (балів) за всіма успішно оціненими результатами навчання під час семестру (оцінки нижче мінімального порогового рівня до підсумкової оцінки не додаються) та оцінки, отриманої під час іспиту.

Формою проведення іспиту є тестова контрольна робота. Результатами навчання, які оцінюються в тестовій контрольній роботі, є РН 1.1-1.3. Максимальна кількість балів, які можуть бути отримані студентом, 40 балів за 100-бальною шкалою. У випадку коли оцінка студента на іспиті є нижчою від мінімального порогового рівня (60% від максимально можливої кількості балів), то бали за іспит не додаються до семестрової оцінки (вважаються рівними нулю), а підсумкова оцінка з дисципліни є незадовільною.

- умови допуску до іспиту:

Студент допускається до іспиту за умови виконання всіх передбачених планом практичних робіт. Обов'язковим для допуску до іспиту є успішне написання 3 модульних контрольних робіт (по кожній не менше 50% правильних відповідей). Студент не допускається до іспиту, якщо під час семестру набрав менше ніж 20 балів.

7.2 Організація оцінювання:

Оцінювання практичних занять і контрольні роботи у вигляді тестування здійснюється протягом семестру. Модульні контрольні роботи 1,2 і 3 проводяться після завершення лекцій з розділів 1, 2 і 3 відповідно.

7.3 Шкала відповідності оцінок

Відмінно / Excellent	90-100
Добре / Good	75-89
Задовільно / Satisfactory	60-74
Незадовільно / Fail	0-59

8. Структура навчальної дисципліни

Тематичний план

№ п/п	Номер і назва теми	Кількість годин		
		Лекції	Практичні	Самостійна робота
Розділ 1: Генетика і організм. Характеристики генів				
Лекції:				
1	Характеристика генів і геномів.	1		
2	Взаємодія генів. Від генів до фенотипів.	1		
3	Мутації генів. Хромосомні мутації. Еволюція геному.	2		
4	Технологія отримання рекомбінантних ДНК.	2		
5	Застосування технології рекомбінантних ДНК.	2		
Практичні заняття:				
6	Виділення ДНК рослин за допомогою ЦТАБ методу. Перевірка якості ДНК за допомогою електрофорезу в агарозному гелі. Спектрофотометричне визначення концентрації ДНК.		2	
7	Полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР). RAPD, міні- та мікросателітний аналіз геномів. STS маркери		2	
Самостійна робота:				
8	Рекомбінації генів. Незалежний розподіл. Кросинговер. Карти зчеплення. Мітотичний кросинговер. Механізми кросинговеру. Рекомбінації в межах гену. Взаємодія генів. Від генів до фенотипів. Діагностичний тест для алелей. Взаємодія між генами. Пенетрантність і експресивність.			10
9	Інсертаційні послідовності. Транспозони. Механізми транспозиції. Перебудови, опосередковані транспозонними елементами. Ту-елементи дріжджів. Транспозоноподібні елементи дрозофіли. Ретровіруси.			10
10	Транспозиція, опосередкована РНК. Контролюючі елементи у кукурудзи. Транспозоноподібні елементи еукаріот. Класифікація мутацій. Спектрофотометрія.			11
Розділ 2: Структурна геноміка. Організація послідовності ДНК. Хромосомні карти.				
Лекції:				
11	Визначення локусів на хромосомах.	2		
12	Хромосомні карти високої роздільної здатності.	2		
13	Фізичне картування геномів.	2		
14	Використання геномних карт в генетичному аналізі.	2		

15	Секвенування геномів.	2		
Практичні заняття:				
16	Встановлення екзон-інтронної структури генів за допомогою біоінформаційних ресурсів. Підбір праймерів до певних ділянок генів для подальшої їх ампліфікації (на прикладі програм Primer 3 express, Fast PCR та інших).		1	
17	Дизайн праймерів та флюорисцентних зондів для оцінки рівня експресії за допомогою Taq Man методики (на прикладі генів, що кодують тубуліни тютюну).		1	
18	Виділення тотальної РНК. Визначення концентрації РНК за допомогою спектрофотометрії. Синтез кДНК з РНК за допомогою зворотної транскрипції (RT PCR).		2	
Самостійна робота:				
19	Пульс-електрофорез. Соматичні клітинні гібриди людина-гризун.			10
20	Поняття соматичної гібридизації. Характеристика маркерів. Гібридизація <i>in situ</i> .			10
21	Використання генної терапії в біології та медицині.			10
Розділ 3:				
Лекції:				
22	Функціональна геноміка.	2		
23	Вивчення взаємодії генів з використанням супресорного аналізу. Вивчення генних взаємодій за допомогою дріжджової двогібридної системи.	2		
24	Вивчення регуляції генів в процесі індивідуального розвитку організму. ДНК-чіпи.	2		
Практичні заняття:				
25	Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням Taq Man nf SYBR-green методики.		2	
26	Блот гібридизація. Саузерн, нозерн, вестерн блотінг.		2	
Самостійна робота:				
27	Вивчення функцій генів-мішеней шляхом їх виключення за допомогою сайт-спрямованого мутагенезу.			10
28	Вивчення генних взаємодій за допомогою дріжджової двогібридної системи			10
ВСЬОГО:		24	12	81

Загальний обсяг 120 год., в тому числі:

Лекцій – 24 год.

Практичні заняття – 12 год.

Консультації – 3 год.

Самостійна робота – 81 год.

9. Рекомендовані джерела:

Основна:

1. Modern Genetic Analysis / Anthony J.F. Griffiths, William M. Gelbart, Jeffrey H. Miller, Richard C. Lewontin. W.H. Freeman and Company, 2000. -p. 675.
2. Claverie J.-M. and C. Noterndame. Bioinformatics for Dummies. Wiley Publishing. – 2007. – 452p.
3. Dear P.H. Bioinformatics. Scilicon Publishing Ltd. – 2007. – 294p.
4. Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette BIOINFORMATICS A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. 2001. – 470p.
5. Higgins D. and W. Taylor. Bioinformatics. Sequence, structure and databanks. OXFORD university press. -2000. - 249p.
6. Mount D.W. Bioinformatics Sequence and genome analysis -2003.– 564.

Додаткова:

1. Блюм Я.Б., Пірко Я.В., Созінов О.О., Ємець А.І., Корховий В.І., Карпов П.А., Шульга С.М., Новожилов О.В., Сорочинський Б.В., Кашеваров Г.П., Кучук М.В., Банникова М.О., Комарницький І.К., Шаховський А.М., Співак С.І. Якісний та кількісний аналіз чужинного генетичного матеріалу у рослинній сировині та продуктах харчування за допомогою методу полімеразної ланцюгової реакції: методичні рекомендації // Інститут клітинної біології та генетичної інженерії НАН України, Державна установа «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України». – К., 2008.- 100 с.
2. Karpov P.A., Blume Ya.B. Bioinformatic search for plant homologues of animal structural MAPs in the Arabidopsis thaliana genome. In the: The Plant Cytoskeleton: a Key Tool for Agro-Biotechnology. Ed. By Ya.B. Blume, W.V. Baird, A.I. Yemets, D. Breviario. – 2008,. Springer, Netherlands. – P.373-397.
3. Karpov P.A., Nadezhdina E.S., Yemets A.I., Matusov V.G., Nyporko A.Yu., Shashina N.Yu. Blume Ya.B. Bioinformatic search of plant protein kinases, participating in microtubule protein phosphorylation and cell division regulation. Cytology and Genetics. –2009. - V.43. – N.3. – P.63-79.
4. Karpov P.A., Nadezhdina E.S., Yemets A.I., Matusov V.G., Nyporko A.Yu., Shashina N.Yu. Blume Ya.B. Bioinformatic Search of Plant Microtubule- and Cell Cycle Related Serine-Threonine Protein Kinases. // BMC Genomics 2010, 11(Suppl 1): S14. - doi:10.1186/1471-2164-11-S1-S14.
5. Karpov P.A. Yemets., A.I.S, Matusov V.G., Nyporko A.Yu., Nadezhdina E.S., Blume Ya.B. Bioinformatic search for plant homologs of Ste20-like serine/threonine protein kinases // Cytology and Genetics 2009, v 43, number 6, 68-77.
6. Bryantseva S.A., Gavryushina E.S., Yemets A.I., Karpov P.A., Blume Ya.B., Drygin Yu.F., Nadezhdina E.S. // MAST2-like protein kinase from grape vine Vitis vinifera: cloning of catalytic domain cDNA. Cytology and Genetics 2010, v 44, number 4, 41-47
7. Introduction to Structural Bioinformatics (Lecture Notes and Course Information) - http://128.178.54.93/Course/bioinfo/www_files/bioinfo.html
8. McGinnis S, Madden TL. BLAST: at the core of a powerful and diverse set of sequence analysis tools. Nucleic Acids Res. 2004;32:W20–W25.
9. Bourne P. E., Weissig H. Structural Bioinformatics. – Hoboken: Wiley-Liss, 2003 – 649 p.
10. Bleidorn C., Phylogenomics, 2017. DOI 10.1007/978-3-319-54064-1