

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации  
НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ  
ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ (НИ ТГУ)

Институт биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства  
(БИОЛОГИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ)



УТВЕРЖДАЮ:

Директор Биологического института

Д.С. Воробьев

«04» мая 2022 г.

Рабочая программа дисциплины

**Геномика**

по направлению подготовки

**06.04.01 Биология**

Направленность (профиль) подготовки:

**«Физиология, биохимия, биотехнология, биоинформатика растений и микроорганизмов»**

Форма обучения

**Очная**

Квалификация

**Магистр**


Год приема

**2022**

Код дисциплины в учебном плане: Б1.О.03

СОГЛАСОВАНО:

Руководитель ОП

 О.В. Карначук

Председатель УМК

 А.Л. Борисенко

Томск – 2022

## **1. Цель и планируемые результаты освоения дисциплины (модуля)**

Целью освоения дисциплины является формирование следующих компетенций:

– ОПК-2 – способность творчески использовать в профессиональной деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность программы магистратуры;

– ОПК-7 – способность в сфере своей профессиональной деятельности самостоятельно определять стратегию и проблематику исследований, принимать решения, в том числе инновационные, выбирать и модифицировать методы, отвечать за качество работ и внедрение их результатов, обеспечивать меры производственной безопасности при решении конкретной задачи.

Результатами освоения дисциплины являются следующие индикаторы достижения компетенций:

ИОПК-2.1. Знает основы фундаментальных и прикладных представлений дисциплин, определяющих направленность программы магистратуры;

ИОПК-7.1. Знает, как подбирать и анализировать информацию в профессиональной сфере деятельности, применяет принципы оценки достоверности научной информации.

## **2. Задачи освоения дисциплины**

– Освоить аппарат геномики и биоинформатики.

– Научиться применять понятийный аппарат геномики и биоинформатики для анализа геномов и решения практических задач профессиональной деятельности.

## **3. Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы**

Дисциплина относится к обязательной части образовательной программы.

## **4. Семестр(ы) освоения и форма(ы) промежуточной аттестации по дисциплине**

Семестр 1, экзамен.

## **5. Входные требования для освоения дисциплины**

Для успешного освоения дисциплины требуются компетенции, сформированные в ходе освоения образовательных программ предшествующего уровня образования.

Для успешного освоения дисциплины требуются результаты обучения по следующим дисциплинам: Молекулярная генетика.

## **6. Язык реализации**

Русский.

## **7. Объем дисциплины (модуля)**

Общая трудоемкость дисциплины составляет 3 з.е., 108 часов, из которых:

– лекции: 8 ч.;

– семинарские занятия: 18 ч.

– практические занятия: 0 ч.;

– лабораторные работы: 0 ч.

в том числе практическая подготовка: 0 ч.

Объем самостоятельной работы студента определен учебным планом.

## **8. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам**

Тема 1. Секвенирование генома

Тема 3. Сборка генома

Тема 4. Физическое картирование

Тема 5. Геномные проекты

Тема 6. NCBI, BLAST – геном человека

Тема 7. Поиск по базе данных

Тема 8. Ensembl

Тема 9. Ensembl BioMart

Тема 10. Эволюция генома

Тема 11. Филогеномика

Тема 12. CRISPR/Cas9

### **9. Текущий контроль по дисциплине**

Текущий контроль по дисциплине проводится путем контроля посещаемости, проведения контрольных работ, тестов по лекционному материалу по темам, выполнения домашних заданий и фиксируется в форме контрольной точки не менее одного раза в семестр.

### **10. Порядок проведения и критерии оценивания промежуточной аттестации**

**Экзамен в первом семестре** проводится в письменной форме по билетам. Билет содержит теоретический вопрос и две задачи. Продолжительность зачета 1,5 часа.

Примеры задач:

Задание 1

Используя <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>, найдите геном домашней мыши (house mouse). Ответьте:

- 1) каков размер геномной сборки?
- 2) каковы значения N50 длин скэффолда и контига?
- 3) сколько хромосом представлено в данном геноме?
- 4) какая из хромосом самая большая и самая маленькая?
- 5) приведите полную таксономию домашней мыши.

Задание 2

Сделайте BLAST Используя <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

>ENST00000315614.11 cDNA:protein\_coding

```
GGAGATGGCGGCAGGGTCGGGTGGGAGTGGGGGCTCTGGGGGAGGCCCTGG
ACCGGGGCC
GGGCGGGGGTGGGGGCCCCAGCGGGAGCGGCTCAGGACCGGGGTCCAACGG
GGGTCTGGG
CAGCGGCGGGGAAGTGCACCCGCGCACTGGGCGCTTGGTGAGCCTGTCGGCC
TGTGGGCG
TACGGCGCGGCGGCAGCAGCCGGGCCAGGAGTTTAACCACGGGCTGGTGTTG
AGCCGAGA
ACCCTTGC GCGATGGACGCGTCTTCACCGTCCGCATCGACCGCAAGGTCAAC
TCCTGGAG
```

CGGCTCCATTGAGATTGGGGTGACAGCGCTGGACCCCAGTGTGCTGGACTTT  
CCAAGCAG  
TGCCACGGGCCTGAAGGGGGGCTCGTGGGTAGTGTCTGGGCTGCTCTGTGCTG  
AGAGATGG  
ACGCTCTGTGTTGGAGGAGTATGGTCAGGACCTGGACCAGCTTGGTGAAGGG  
GACCGCGT  
GGGCGTGGAGCGCACAGTTGCTGGGGAGCTTCGGCTCTGGGTGAATGGGCGG  
GATTGCGG  
TGTGGCTGCCACAGGCCTGCCCCCTCGTGTCTGGGCCGTCGTGGACCTTTATG  
GCAAGTG  
CACCCAGATCACCGTGCTACCCCCTGAGCCAGGCTTCAGCCCCCCTACTCCCA  
TCCCCAC  
ACSTCCCCTCGAGCCCTTGGCCCCCACTGAAGACTCTGCCTTGGCTGAACAGG  
GGACCTC  
TGCAGATGAAGCCTTCATGGTGTCCCCAGCGCAGGCCCGGCCGGAGACGTTT  
CCTAACAG  
CCTTGAGTCGCATAATGACTTTGCCAACATGGAGCTGTCTGAGGTGGTGAGC  
AACACCAT  
CCTGTCTGCCTACAATGGAGGGCTCCTGAATGTGAACCTGAGCTCCCCACCG  
GCAGGGGA  
AGGCCTGGGATCTAGCGGTGCTGCCACCTCGCCCATTCTCACTTCCAACGATG  
CCCTGCT

- 1) Какому организму принадлежит эта последовательность?
- 2) Как называется ген?
- 3) Насколько он консервативен (у каких еще организмов есть его ортологи)?

#### Задание 3

Используя <https://uswest.ensembl.org>, найдите ген RBFOX1 у африканского страуса.

- 1) Каковы его роль в биологических процессах, молекулярная функция и клеточная локализация.
- 2) Насколько он консервативен?
- 3) Найдите паралог этого гена в геноме.

#### Задание 4

Используя BioMart Найдите ортологичные гены у Альпаки генам Y-хромосомы человека. Сколько всего ортологов? Каковы их термины GO и домены GO?

Результаты экзамена определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

5 – Дан полный, самостоятельный (без наводящих вопросов) ответ, сопровождающийся соответствующими рисунками, схемами и примерами, на все (2) вопросы билета. Продемонстрировано знание и владение терминами по курсу «Молекулярная генетика».

4 – Дан ответ, сопровождающийся соответствующими рисунками, схемами и примерами, на все (2) вопросы билета. При этом отвечающий нуждается в наводящих вопросах.

3 – Дан ответ на все (2) вопросы билета не в полном объеме. Отвечающий испытывает трудности с использованием терминов и иллюстрированием ответа.

2 – Не ответил на вопросы экзаменационного билета. Не может корректно использовать термины.

=1 – Отвечающий не имеет представления о предмете. *Текущий контроль влияет на промежуточную аттестацию, ставится «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно» ставиться в соответствии с выполнением задания.*

Вопросы к экзамену по курсу " Геномика", 20 декабря 2021

1. Преимущество секвенирования по Сэнгеру:

- А) Высокая точность.
- Б) Невысокая стоимость.
- В) Высокая производительность.

2. Главным недостатком технологии параллельного секвенирования Illumina является:

- А) Высокая стоимость.
- Б) Короткая длина прочтений.
- В) Низкая производительность.

3. Какой из описанных принципов относится к технологии Oxford Nanopore?

А) Световые сигналы от включения нуклеотидов, вызванные работой АТФ-сульфуриказы и люциферазы, в каждой лунке регистрируются цифровой камерой CCD.

Б) Флуоресцентные метки прикрепляются к терминальному фосфату, а не к нуклеотидному основанию, в результате флуоресцентные метки удаляются как часть процесса включения нуклеотидов.

В) Разные нуклеотидные основания создают разные уровни блокировки электрического заряда, которые регистрируются системой.

4. Какое свойство ДНК используется в секвенировании:

- А) Репликация.
- Б) Связывание с гистонами.
- В) Кодирование белков.

5. Первым геномным проектом было секвенирование и сборка генома:

- А) Человека.
- Б) Бактерии.
- В) Комара.

6. Цель сборки генома:

- А) Оптимизировать секвенирование ДНК.
- Б) Приготовить клоны фрагментов генома разной длины для секвенирования.
- В) Собрать прочтения в контиги и контиги в скэффолды, возможно, до уровня хромосом.

7. Более эффективным оказался следующий подход к секвенированию генома:

- А) Иерархическое секвенирование от клона к клону.
- Б) Полногеномное секвенирование методом дробовика.
- В) Обратное секвенирование от карты к клонам.

8. Перекрытие k-меров в Графе де Брюйна используется при сборке последовательностей, полученных методом:

- А) Секвенирования нового поколения.
- Б) Секвенирования по Сенгеру.
- В) Секвенирования по Максаму-Гилберту.

9. Флуоресцентная гибридизация *in situ* является основным методом

- А) Физического картирования на основе хромосом.
- Б) Генетического картирования на основе рекомбинации.
- В) Оптического картирования на основе сайтов рестрикции.

10. Наибольшую разрешающую способность для физического картирования имеют

- А) Метафазные хромосомы.
- Б) Политенные хромосомы.
- В) Мейотические хромосомы.

11. Высокий генетический полиморфизм ДНК

- А) Затрудняет сборку генома.
- Б) Облегчает сборку генома.
- В) Не влияет на сборку генома.

12. Длина N50 это

- А) Средняя длина контига в геномной сборке.
- Б) Средневзвешенная по длине длина в геномной сборке.
- В) Наибольшая длина L, так что 50% всех нуклеотидов содержится в контигах размером не менее L.

13. Ортологи это

А) Гомологичные гены (или любые последовательности ДНК), которые разделены из-за события видообразования; они происходят от одного и того же гена у последнего общего предка.

Б) Гомологичные гены, которые разделены из-за событий дублирования генов.

В) Гомологичные гены со сходной биохимической активностью, общими мотивами в последовательности и сходной структурой.

14. Метрики N50 и BUSCO используются для

- А) Оценки степени сходства между геномами разных видов.
- Б) Оценки качества геномной сборки.
- В) Подсчета количества генов и некодирующих элементов в геноме.

15. Данный метод улучшения геномной сборки работает только при наличии нескольких геномов близких видов

- А) Метод Hi-C.
- Б) Метод оптического картирования
- В) Метод синтении/геномных перестроек.

16. Полиморфные хромосомные инверсии

А) Приводят к высоким уровням генетической дифференциации между популяциями в инвертированных частях генома.

Б) Увеличивают поток генов (интрогрессию) между популяциями.

В) Не влияют на геномную архитектуру популяций.

17. Скорость фиксации хромосомных перестроек позитивно коррелирует с
- А) Плотностью повторяющихся элементов.
  - Б) Плотностью генов.
  - В) Плотностью некодирующей РНК.
18. BLAST алгоритм работает на основе
- А) Глобального выравнивания последовательностей.
  - Б) Локального выравнивания последовательностей.
  - В) Смешанного выравнивания последовательностей.
19. Сравнивая последовательности ДНК, мы получаем
- А) Значительно меньше случайных совпадений, чем в случае с белками.
  - Б) Такое же число случайных совпадений, как и в случае с белками.
  - В) Значительно больше случайных совпадений, чем в случае с белками.
20. Специфичность алгоритма BLAST - это
- А) Способность обнаруживать «все возможные» совпадения.
  - Б) Способность обнаруживать «истинно положительные» совпадения.
  - В) Возможность отклонять «ложноположительные» совпадения.
21. Систематика - это
- А) Наименование и отнесение организмов к таксонам.
  - Б) Классификация организмов с учетом их естественных взаимоотношений.
  - В) Выявление механизмов эволюции таксонов.
22. Филогенетическое дерево ((A,(B,C)),(D,E)) говорит, что
- А) В и С более тесно связаны друг с другом, чем любой из них, и что А, В и С образуют кладу, которая является сестринской группой для клады, состоящей из D и E.
  - Б) Все таксоны имеют одинаковые взаимоотношения друг с другом.
  - В) В, С, D и E более тесно связаны друг с другом, чем с А.
23. Наилучшим способом укоренения филогенетического дерева является метод при помощи
- А) Внутренней группы.
  - Б) Внешней группы.
  - В) Средней точки.
24. Правильно классифицированные таксоны с точки зрения систематики являются те, которые на филогенетическом древе образуют
- А) Парафилетическую группу.
  - Б) Монофилетическую группу.
  - В) Полифилетическую группу.
25. Гомологичная рекомбинация (HR) - это
- А) Механизм восстановления двуцепочечных разрывов ДНК, посредством которого два негомологичных конца непосредственно лигируются.
  - Б) Путь восстановления разрыва ДНК, приводящий к безошибочному восстановлению посредством вовлечения гомологичных последовательностей.
  - В) Эктопическая рекомбинация, происходящая между линейно удаленными участками генома.

26. В CRISPR/Cas9 системе для нахождения нужного участка в геноме используется

А) Комплементарная РНК, которая распознает последовательности длиной около 20 п.н.

Б) Повтор, состоящий из 33-35 аминокислот с повторяющимся переменным двойным остатком, расположенным в положениях 12 и 13, содержащий ДНК-связывающиеся домены.

В) Мотив, состоящий из около 30 аминокислот, распознающий последовательности ДНК длиной 9-18 пар оснований.

Результаты экзамена определяются оценками «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

90+% - ставится «отлично», 80-89.9% - ставится «хорошо», 60-79.9% - ставится «удовлетворительно», <60% - ставится «неудовлетворительно».

### **11. Учебно-методическое обеспечение**

а) Электронный учебный курс по дисциплине в электронном университете «Moodle» - <https://moodle.tsu.ru/course/view.php?id=00000>

б) Оценочные материалы текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине.

### **12. Перечень учебной литературы и ресурсов сети Интернет**

а) основная литература:

- Terry Brown. Genomes 4. © 2018 by Garland Science, Taylor & Francis Group, LLC.

- Гены /Б. Льюин; Пер. с англ. А. П. Гинцбурга и др. ; Под. ред. Г. П. Георгиева. – М. : Мир , 1987. – 544 с.

- Гены и геномы : [Руководство по молекулярной биологии]: В 2-х т. /Пер. с англ. Т. С. Ильиной и Ю. М. Романовой; Под ред. Н. К. Янковского. – М. : Мир , 1998. – 373 с.

- Общая генетика : Учебник для студентов университетов, обучающихся по специальности "Биология" /С. И. Алиханян, А. П. Акифьев, Л. С. Чернин. – М. : Высшая школа , 1985. – 448 с

- Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии /[Э. Эйткен, А. Р. Бейдоун, Дж. Файфф и др.] ; ред.: К. Уилсон и Дж. Уокер ; пер. с англ. Т. П. Мосоловой и Е. Ю. Бозелек-Решетняк ; под ред. А. В. Левашова, В. И. Тишкова. – Москва : БИНОМ. Лаборатория знаний , 2012. – 848 с.

б) дополнительная литература:

- Молекулярная биология клетки Т. 2 : с задачами Джона Уилсона и Тима Ханта : [в 3 т.] /Брюс Альбертс, Александр Джонсон, Джулиан Льюис [и др.] ; пер. с англ. А. Н. Дьяконовой, А. В. Дюбы ; под ред. Е. Н. Богачевой, И. Н. Шатского. – Москва [и др.] : Регулярная и хаотическая динамика [и др.], 2013. – 1736 с.

- Никольский В.И. Генетика : [учебное пособие для студентов вузов]. – Москва : Академия , 2010. – 248 с.

- Физические основы молекулярной биологии : [учебное пособие] /Т. Уэй ; пер. с англ. под ред. Л. В. Яковенко. – Долгопрудный : Интеллект , 2010. – 363 с.

в) ресурсы сети Интернет:

– открытые онлайн-курсы

1. <http://edu.tsu.ru/eor/resource/530/tpl/index.html#>

2. <http://www.xumuk.ru>

3. <http://biomolecula.ru>



### **13. Перечень информационных технологий**

а) лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение:

- Microsoft Office Standart 2013 Russian: пакет программ. Включает приложения: MS Office Word, MS Office Excel, MS Office PowerPoint, MS Office OneNote, MS Office Publisher, MS Outlook, MS Office Web Apps (Word Excel MS PowerPoint Outlook);
- публично доступные облачные технологии (Google Docs, Яндекс диск и т.п.).

б) информационные справочные системы:

- Электронный каталог Научной библиотеки ТГУ –  
<http://chamo.lib.tsu.ru/search/query?locale=ru&theme=system>
- Электронная библиотека (репозиторий) ТГУ –  
<http://vital.lib.tsu.ru/vital/access/manager/Index>
- ЭБС Лань – <http://e.lanbook.com/>
- ЭБС Консультант студента – <http://www.studentlibrary.ru/>
- Образовательная платформа Юрайт – <https://urait.ru/>
- ЭБС ZNANIUM.com – <https://znanium.com/>
- ЭБС IPRbooks – <http://www.iprbookshop.ru/>

в) профессиональные базы данных (*при наличии*):

- Университетская информационная система РОССИЯ – <https://uisrussia.msu.ru/>
- Единая межведомственная информационно-статистическая система (ЕМИСС) –  
<https://www.fedstat.ru/>

### **14. Материально-техническое обеспечение**

Аудитории для проведения занятий лекционного типа.

Аудитории для проведения занятий семинарского типа, индивидуальных и групповых консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации.

Помещения для самостоятельной работы, оснащенные компьютерной техникой и доступом к сети Интернет, в электронную информационно-образовательную среду и к информационным справочным системам.

### **15. Информация о разработчиках**

Шарахов Игорь Валентинович, доктор биологических наук, кафедра генетики и клеточной биологии Биологического института Национального исследовательского Томского государственного университета, профессор.