

ГОУ ВПО РОССИЙСКО-АРМЯНСКИЙ (СЛАВЯНСКИЙ) УНИВЕРСИТЕТ

Составлен в соответствии с
государственными требованиями к минимуму
содержания и уровню подготовки
выпускников по направлению 01.04.02
Прикладная математика и информатика
и Положением «ОБУМКД РАУ».

УТВЕРЖДАЮ:
Директор института
математики и информатики,
канд. физ.-мат. наук
Дарбинян Арман Араикович



«19» 07 2023 г.

Институт: Математики и Информатики

Кафедра: Математики и математического моделирования

Автор: канд. физ.-мат. наук Дарбинян Арман Араикович

УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ КОМПЛЕКС

Дисциплина: Б1.В.ДВ.02.01 Геномика

Для магистерских программ:

Магистерская программа: 01.04.02 Вычислительная биология (Computational Biology)

Направление: Прикладная математика и информатика
Название направления

ЕРЕВАН

1. Аннотация

«Геномика» является важнейшей современной областью знаний и научных достижений, является основой для развития медицины нового поколения (генная терапия, генная и геномная инженерия, фармакогеномика, лекарств нового поколения и т.д.), развития современного сельского хозяйства (диагностика болезней, идентификация генетических признаков пород и сортов для селекции и т.д.), а также фундаментальных исследований (идентификация всех генов, классификация генов по биохимическим функциям и их продуктов, анализ распределения полиморфизма и мутаций, определение эволюционных и популяционных взаимосвязей, создание коллекции генетического материала и т.д.). Цель дисциплины - формирование у студентов знаний относительно теоретических и практических основ геномики и протеомики, ознакомление с современными экспериментальными и расчетными методами установления структуры и функций нуклеиновых кислот и белков, выяснения механизмов белок-белковых и белок-ДНК взаимодействий, а также формирование у студентов представлений о важнейших достижениях и проблемах данных наук, их практическом значении для развития других отраслей биологии, биомедицины, медицинской генетики и биомедицины.

2. Взаимосвязь с другими дисциплинами специальности: Дисциплина «Геномика» взаимосвязана с дисциплинами «Молекулярная биология и типы биологических данных», «Вычислительная биология», «Системная биология» и «Средства программирования для геномики».

3. Требования к исходным уровням знаний и умений студентов: Дисциплина базируется на знаниях курсов «Молекулярная биология и типы биологических данных», «Вычислительная биология» и «Системная биология».

4. Объем дисциплины и виды учебной работы по рабочему учебному плану

Виды учебной работы	Всего часов	Количество часов по семестрам			
		1 сем.	2 сем.	3 сем.	4 сем.
1	2	3	4	5	6
1. Общая трудоемкость изучения дисциплины по семестрам, в т. ч.:	72		72		
1.1. Аудиторные занятия, в т. ч.:	36		36		
1.1.1. Лекции	36		36		
1.1.2. Практические занятия, в т. ч.					
1.2. Самостоятельная работа	36		36		
2. Форма итогового контроля: Экзамен					

5. Распределение весов по формам контроля

Вид учебной работы/контроля	Вес формы текущего контроля в результирующей оценке текущего контроля			Вес формы промежуточного контроля и результирующей оценки текущего контроля в итоговой оценке промежуточного контроля			Вес итоговых оценок промежуточных контролей в результирующей оценке промежуточного контроля	Вес оценки результирующей оценки промежуточных контролей и оценки итогового контроля в результирующей оценке итогового контроля
	M1 ¹	M2	M3	M1	M2	M3		
Контрольная работа				0	0.5	0.5		
Тест								
Курсовая работа								
Лабораторные работы								
Письменные домашние задания								
Эссе								
<i>Другие формы (опрос)</i>		0,5	0,5					
<i>Другие формы (добавить)</i>								
<i>Другие формы (добавить)</i>								
Вес результирующей оценки текущего контроля в итоговых оценках промежуточных контролей				0	0,5	0,5		
Вес итоговой оценки 1-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей							0	
Вес итоговой оценки 2-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей							0.5	

Вес итоговой оценки 3-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей т.д.							0.5	
Вес результирующей оценки промежуточных контролей в результирующей оценке итогового контроля								1
Экзамен/зачет (оценка итогового контроля)								0
		$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$

6. Содержание дисциплины

6.1 Тематический план и трудоемкость аудиторных занятий (Модули, разделы дисциплины и виды занятий) по учебному плану

Разделы и темы дисциплины	Всего часов	Лекции, часов	Практ. занятия, часов	Семина-ры, часов	Лабор, часов	Другие виды занятий, часов
1	2	3	4	5	6	7
II курс						
<i>МОДУЛЬ 1</i>						
Тема 1. Геномика, цели и задачи. Источники данных, геномные данные.	4		4			
Тема 2. Белок-ДНКовые взаимодействия	4		4			
Тема 3. Сборка геномов <i>de novo</i>	4		4			
Тема 4. Сравнительная геномика. Инструменты сравнительной генимики.	4		4			
Тема 5. Эволюция геномов.	4		4			
Тема 6. Точечные нуклеотидные полиморфизмы	4		4			
Тема 7. Метагеномика.	4		4			
Тема 8. Постгеномные данные	4		4			
Тема 9. Эпигенетика и транскриптомика	4		4			
ИТОГО	36		36			

7. Рекомендуемая литература:

1. Genomics and Proteomics. Functional and Computational Aspects. 2002, Editors: Suhai, Sándor (Ed.), Springer US publisher. ISBN 978-0-306-46823-0. 250 pages, doi:10.1007/b113595
2. N Saraswathy P Ramalingam. Concepts and Techniques in Genomics and Proteomics. 1st edition. 2011, 268 pages, eBook ISBN: 9781908818058.
3. The Practice of Medicinal Chemistry (Fourth Edition) 2015, Chapter 22. Protein Crystallography and Drug Discovery, 511-537, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-417205-0.00022-5>
4. Sun ZY.J., Wagner G. (2006) 3D Structure Determination by NMR. In: Encyclopedic Reference of Genomics and Proteomics in Molecular Medicine. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/3-540-29623-9_5010

5. Bent Honore', Morten Østergaard, and Henrik Vorum. Functional genomics studied by proteomics. *Bioassays* 2004; 26:901-905
6. Loots GG, Chain PS, Mabery S, Rasley A, Garcia E, Ovcharenko I. Array2BIO: from microarray expression data to functional annotation of co-regulated genes. *BMC Bioinformatics*. 2006; 7:307.
7. Hulsen T, Groenen PM, de Vlieg J, Alkema W. PhyloPat: an updated version of the phylogenetic pattern database contains gene neighborhood. *Nucleic Acids Res*. 2009; 37(Database issue):D731-7.
8. Williams G. Database of Gene Co-Regulation (dGCR): A Web Tool for Analysing Patterns of Gene Co-regulation across Publicly Available Expression Data. *J Genomics*. 2015 Jan 15;3:29-35
9. Michalak P. Coexpression, coregulation, and cofunctionality of neighboring genes in eukaryotic genomes. *Genomics*. 2008 Mar;91(3):243-8.
10. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/> - сервер NCBI Национального центра биотехнологической информации США: базы данных GenBank, NCBI Protein Database, UniGene, HomoloGene т.д.
11. <http://www.ebi.ac.uk/embl/index.html> - The EMBL Nucleotide Sequence Database, база данных нуклеотидных последовательностей Европейской молекулярно-генетической лаборатории EMBL
12. <https://asia.ensembl.org/index.html> - Ensembl

Учебная программа одобрена кафедрой Биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии

Зав. кафедрой: Захарян Р.В.



(подпись)