НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ НАУК УКРАЇНИ
Державна установа
«ІНСТИТУТ ХАРЧОВОЇ БІОТЕХНОЛОГІЇ ТА ГЕНОМІКИ
НАЦІОНАЛЬНОЇ АКАДЕМІЇ НАУК УКРАЇНИ»

«ЗАТВЕРДЖУЮ»
Директор ДУ «ІХБГ НАН України»
академік НАН України
_____ Ярослав БЛЮМ
наказ № 22 від 22 травня 2026 р.

ПРОГРАМА
НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

СТРУКТУРНА ТА ФУНКЦІОНАЛЬНА ГЕНОМІКА

для здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії
галузь знань Е Природничі науки, математика та статистика

Е1 «Біологія та біохімія»

Шифр за ОНП – ОК 1.7.

КИЇВ – 2026

Робоча програма навчальної дисципліни **«Структурна та функціональна геноміка»** для здобувачів вищої освіти ступеня доктор філософії *галузі знань* Е Природничі науки, математика та статистика за *спеціальністю* Е1 Біологія та біохімія.
«22» травня 2026 року – 18 с.

Розробник:
Блюм Я.Б., д.б.н., професор, академік НАН України.

Робоча програма дисципліни **«Структурна та функціональна геноміка»** схвалена на засіданні вченої ради ДУ «ІХБГ НАН України» (протокол № 8 від «21» травня 2026 року).

Робоча програма дисципліни «Структурна та функціональна геноміка» розглянута на засіданні випускового відділу геноміки та молекулярної біотехнології ДУ «ІХБГ НАН України».

Завідувач відділу академік НАН України Ярослав БЛЮМ

20 травня 2026

© **Блюм.Я.Б.**, ___ , 2026 рік
© _____, 20___ рік
© _____, 20___ рік

ВСТУП

Навчальна дисципліна «**Структурна та функціональна геноміка»** є складовою освітньо-наукової програми підготовки здобувачів вищої освіти ступеня доктор філософії *галузі знань* Е Природничі науки, математика та статистика за *спеціальністю* Е1 Біологія та біохімія.

Дана дисципліна є обов'язковою дисципліною за ***спеціальністю*** Е1 Біологія та біохімія.

Викладається у 2 семестрі І курсу аспірантури **в обсязі – 120 год.** ***(4 кредити ECTS)*** зокрема: *лекції – 20 год, практичні роботи –20 год, самостійна робота – 80 год.* У курсі передбачено 2 *змістових модулі*. Завершується дисципліна **екзаменом.**

Мета дисципліни – поглиблення знань здобувачів з основними досягненнями геномних досліджень у рішенні біологічних та медичних проблем, з сучасними експериментальними і розрахунковими методами встановлення структури і функцій нуклеїнових кислот і білків; з'ясування механізмів білок-білкових та білок-ДНКових взаємодій, з етичними питаннями, що виникають при використанні сучасних геномних технологій, з практичним значенням досягнень для розвитку інших галузей біології, біотехнології та біомедицини.

Завдання:

1) схарактеризувати основні сучасні методи вивчення структури і функції геному і протеому;

2) відпрацювати методи на конкретних прикладах;

3) сформувати уявлення про основні досягнення в галузі вивчення геному, транскриптому і протеому клітини і перспективи постгеномних досліджень;

4) сформувати здатність вирішувати стандартні завдання професійної діяльності на основі інформаційної та бібліографічної культури із застосуванням інформаційно-комунікаційних технологій і з урахуванням основних вимог інформаційної безпеки;

5) сформувати здатність застосовувати базові уявлення про основні закономірності та сучасні досягнення генетики та селекції, геноміки, протеоміки.

Згідно з вимогами освітньо-наукової програми шляхом формування Загальних та Спеціальних компетенцій аспірант повинен:

ЗК01. Знати та розуміти предметну область та розуміти професійну діяльність.
ЗК02. Бути здатним працювати в міжнародному контексті.
ЗК03. Бути здатним розробляти та управляти проектами.
ЗК04. Бути здатним мотивувати людей та рухатися вперед.
ЗК05. Бути здатним оцінювати та забезпечувати якість виконуваних робіт.
ЗК06. Бути здатним працювати автономно.
ЗК07. Здатність розуміти та застосовувати на практиці цінності, принципи і правила академічної доброчесності, дотримуватись принципу неприпустимості корупції.

СК01. Бути здатним планувати і здійснювати комплексні оригінальні дослідження, досягати наукових результатів, які створюють нові знання у біології та

дотичних до неї міждисциплінарних напрямах і можуть бути опубліковані у наукових виданнях з біології та суміжних галузей.

СК02. Бути здатним усно і письмово презентувати та обговорювати результати наукових досліджень та/або інноваційних розробок українською та англійською мовами, розуміти англомовні наукові тексти за напрямом досліджень.

СК03. Бути здатним застосовувати сучасні інформаційні технології, бази даних та інші електронні ресурси, спеціалізоване програмне забезпечення у науковій та навчальній діяльності.

СК05. Бути здатним виявляти, формулювати та вирішувати проблеми дослідницького характеру в галузі біології, оцінювати та забезпечувати якість досліджень, які проводять.

СК06. Бути здатним ініціювати, розробляти і реалізовувати комплексні інноваційні проекти в біології та дотичні до неї міждисциплінарні проекти.

СК07. Бути здатним дотримуватись етики досліджень, а також правил академічної доброчесності в наукових дослідженнях та науково-педагогічній діяльності.

СК08. Здатність сформувати системний науковий світогляд та загальнокультурний кругозір.

В результаті вивчення навчальної дисципліни аспірант повинен:

РН01. Мати концептуальні та методологічні знання з біології і на межі предметних галузей, а також дослідницькі навички, достатні для проведення наукових і прикладних досліджень на рівні світових досягнень з відповідного напряму, отримання нових знань та/або здійснення інновацій.

РН02. Вільно презентувати та обговорювати результати досліджень, наукові та прикладні проблеми біології державною та іноземною мовами, кваліфіковано відображати результати досліджень у наукових публікаціях у наукових виданнях.

РН03. Формулювати і перевіряти гіпотези; використовувати для обґрунтування висновків належні докази, зокрема, результати аналізу джерел літератури, експериментальних досліджень (опитувань, спостережень, експерименту) і математичного та/або комп’ютерного моделювання.

РН04. Розробляти та досліджувати концептуальні, математичні і комп’ютерні моделі процесів і систем, ефективно використовувати їх для отримання нових знань та/або створення інноваційних продуктів у біології та дотичних міждисциплінарних напрямах.

РН05. Планувати і виконувати експериментальні та/або теоретичні дослідження з біології та дотичних міждисциплінарних напрямів з використанням сучасного інструментарію, критично аналізувати результати власних досліджень і результати інших дослідників у контексті всього комплексу сучасних знань щодо досліджуваної проблеми.

РН06. Застосовувати сучасні інструменти і технології пошуку, оброблення та аналізу інформації, зокрема, статистичні методи аналізу даних великого обсягу та/або складної структури, спеціалізовані бази даних та інформаційні системи.

РН08. Глибоко розуміти загальні принципи та методи біологічних наук, а також методологію наукових досліджень, застосувати їх у власних дослідженнях у сфері біології та у викладацькій практиці.

Місце дисципліни *(в структурно-логічній схемі підготовки фахівців відповідного напряму підготовки)*.

Навчальна дисципліна «Структурна та функціональна геноміка» є обов'язковою дисципліною з підготовки здобувачів вищої освіти ступеня доктор філософії *галузі знань* Е Природничі науки, математика та статистика за *спеціальністю* Е1 Біологія та біохімія.

При вивченні дисципліни поглиблюються знання про особливості будови геномів живих організмів і їх структурно-функціональної організації, визначення просторової структури білків та РНК, закодованих у ДНК молекулах, використання тримірної будови молекул або їх функціональних сайтів для поліпшення життя людства.

Зв'язок з іншими дисциплінами.

Основою для вивчення навчальної дисципліни «Структурна та функціональна геноміка» є обов'язкова дисципліна «Методологія наукових досліджень» та дисципліни університетського рівня «Генетика», «Молекулярна біологія», «Біохімія». Навчальна дисципліна «Структурна та функціональна геноміка» є практично-орієнтованою для засвоєння знань та вмінь у системі професійної підготовки третього (освітньо-наукового) рівня з підготовки здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії за спеціальністю Е1 Біологія та біохімія.

ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

Змістовий модуль 1. Структура генів і геномів.

Тема 1. Сучасні знання про ДНК ***(12 год).***

Завдання експериментальної генетики. Особливості геномів прокаріотичних та еукаріотичних організмів. Локалізація та межі генів. Вияв екзонів і інтронів, елементів геному, що повторюються, транспозонів, структурних елементів (промоторів, енхансером, сайленсери та ін.). Бази даних нуклеотидних послідовностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene). «Вирівнювання» нуклеотидних послідовностей.

Тема 2. Сучасні знання про гени та білки ***(12 год).***

Діагностичний тест для алелей. Типи взаємодії між алелями одного гену. Пенетрантність і експресивність Рекомбінація генів. Кросинговер, його механізми. Мітотичний кросинговер. Рекомбінація в межах гену. Карти зчеплення.

Особливості просторової структури білка. Зв'язок з геномами. «Вирівнювання» амінокислотних послідовностей, пошук білкових «мотивів». Основні методи протеомних досліджень: мас-спектрометрія, двомірний гель-електрофорез, рідинна хроматографія, афінні методи. Бази даних амінокислотних послідовностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database). Каталогізація білків. Атлас білків людини. Комп'ютерний аналіз білків.

Тема 3. Білок-ДНКові та білок–білкові взаємодії ***(12 год).***

Техніки ChIP-Chip і ChIP-Seq. ChIP-Chip як техніка, яка об'єднує іммунопреціпітацію хроматину (ChIP) з технологією ДНК-чипів (DNA-chips). застосування техніки для дослідження ДНК-білкових взаємодій in vivo. ChIP-Seq як техніка, яка об'єднує іммунопреціпітацію хроматину (ChIP) з масштабним паралельним секвенуванням ДНК. Застосування для ідентифікації сайтів зв'язування білків.

Методи, що застосовуються для вивчення білок-білкових взаємодій. Білкові чіпи. передбачення потенційних сайтів пост-трансляційних модифікацій білків і білок-білкових взаємодій.

ТЕМА 4. Технологія рекомбінантних ДНК ***(12 год).***

Шляхи еволюції геномів, походження генетичного поліморфізму і біорізноманіття, роль горизонтального переносу генів. Еволюційний підхід до вивчення формування комплексів генів, окремих хромосом, стабільності частин геному, еволюції спадкової патології. Створення рекомбінантних ДНК. Клонування специфічних генів. Використання клонованих ДНК. Мутагенез in vitro. RFLP-картування. Зворотня генетика. Експресія еукаріотичних генів в бактеріях. Технологія рекомбінантних ДНК в еукаріотах. Генна терапія. Використання рекомбінантних ДНК для прямого виявлення алелей, зумовлюючих захворювання.

Змістовий модуль 2. Структурна та функціональна геноміка

Тема 5. Структурна геноміка ***(24 год).***

Біоінформатичний аналіз. Метод вагової матриці. Репортерні системи. кДНК і EST-маркери. Сучасні технології отримання кДНК-бібліотек. Комп`ютерний аналіз транскрипції локусу. Метод диференціального дисплея, що вираховує гібридизацію та ін. SMART і Maraton-технології. Проект RIKEN. Комп'ютерний диференційний дисплей. Кластер UniGene. Генні мережі

Тема 6. Хромосомні карти високої роздільної здатності ***(12 год)***.

Визначення локусів на хромосомах. Прив`язка генів або маркерів до індивідуальних хромосом. Зв'язок з відомими локусами. Пульс-електрофорез. Соматичні клітинні гібриди людина-гризун. Хромосомні карти високої роздільної здатності. Мейотичне картування за допомогою рекомбінації. Гібридизація in situ. *Мінісателітні та макросателітні маркери. Радіаційне гібридизаційне картування.*

Тема 7. Картування геномів ***(12 год)***.

Фізичне картування геномів. Хромосомо-специфічні бібліотеки. Методи аналізу повної послідовності хромосомної ДНК: FISH-аналіз, аналіз фінгерпринтів та аналіз з використанням унікальних STS-послідовностей. Клонування і картування хромосом. Секвенування геномів. Секвенування випадкових клонів. Секвенування впорядкованих клонів. Автоматизація секвенування.

Використання геномних карт в генетичному аналізі. Виділення генів шляхом позиційного клонування. Виділення генів за допомогою генів-кандидатів.

Тема 8. Функціональна геноміка ***(12 год)***.

Основні завдання функціональної геноміки, методи виявлення окремих генів і оцінки їх функцій (in situ гібридизація, ДНК-footprinting, експериментальний мутагенез, використання трансгенних тварин, метод нокауту). Ортологічні і паралогічні гени Методи, засновані на знанні нуклеотидних послідовностей інших генів. Передбачення функцій білка. Програма пошуку гомології - BLAST. *Інші методи порівняння послідовностей (бази білкових доменів, філогенетичний профіль, fusion-білки, аналіз найближчих сусідів). Недоліки комп'ютерних методів з'ясування функції гена. Експресія гена і мікрочіпи. Геномний мутагенез. Порівняльна характеристика геному дріжджів (Saccharomyces cerevisiae), черв'яка (Caenorhabditis elegans), рослин (Arabidopsis thaliana), плодової мушки (Drosophila melanogaster) і людини (*Homo sapiens*).*

Тема 9. Методи функціональної геноміки ***(12 год.)***.

Характеристика протеому з використанням відкритих рамок зчитування (ORF). Вивчення функцій генів-мішеней шляхом їх виключення за допомогою сайт-спрямованого мутагенезу. Вивчення взаємодії генів з використанням супресорного аналізу. Вивчення генних взаємодій за допомогою дріжджової двогібридної системи. Вивчення регуляції генів в процесі індивідуального розвитку організму. ДНК-чіпи.

Майбутнє геноміки Геноміка для сільського господарства і біотехнології. Етичні проблеми. Геноміка для медицини. Етичні проблеми, пов`язані з проектом «Геном Людини».

СТРУКТУРА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ
ТЕМАТИЧНИЙ ПЛАН ЛЕКЦІЙ,
ПРАКТИЧНИХ ЗАНЯТЬ, САМОСТІЙНОЇ РОБОТИ

№ з/п	Назва лекції	Кількість годин		
		лекції	практичні	СРС
	Змістовий модуль 1 *Структура генів і геномів.*			
1	**Тема 1**. *Сучасні знання про ДНК*	2	2	8
2	**Тема 2.** *Сучасні знання про гени та білки*	2	2	8
3	**Тема 3.** *Білок-ДНКові та білок–білкові взаємодії*	2	2	8
4	**Тема 4.** *Технологія рекомбінантних ДНК*	2	2	8
	Разом за змістовим модулем 1	***8***	***8***	***32***
	Змістовий модуль 2 *Структурна та функціональна геноміка*			
5	**Тема 5.** *Структурна геноміка*	4	4	16
6	**Тема 6.** *Хромосомні карти високої роздільної здатності*	2	2	8
7	**Тема 7.** *Картування геномів*	2	2	8
8	**Тема 8**. *Функціональна геноміка*	2	2	8
9	**Тема 9.** *Методи функціональної геноміки*	2	2	8
	Разом за змістовим модулем 2	***12***	***12***	***48***
	ВСЬОГО	**20**	**20**	**80**

Загальний обсяг ***– 120*** *год.****(4 кредити ECTS)****, у* тому числі:
Лекцій ***– 20*** *год.*
Практичні заняття *– **20** год*
Самостійна робота ***– 80*** *год.*

ЗМІСТОВИЙ МОДУЛЬ 1
Структура генів і геномів

ТЕМА 1. *СУЧАСНІ ЗНАННЯ ПРО ДНК* ***(12 ГОД).***

Лекція 1. *СУЧАСНІ ЗНАННЯ ПРО ДНК* ***(2 год.)***

Практичне заняття 1 (2 год.)
Бази даних нуклеотидних послідовностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene).

Завдання для самостійної роботи (8 год.)
Особливості геномів прокаріотичних організмів.
Особливості геномів еукаріотичних організмів.

Контрольні запитання та завдання:
1. *Локалізація та межі генів.*
2. *Екзони, інтрони.*
3. *Елементи геному, що повторюються, транспозони.*
4. *Структурні елементи (промотори, енхансери, сайленсери.).*
5. *Бази даних нуклеотидних послідовностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene).*
6. *«Вирівнювання» нуклеотидних послідовностей.*

Рекомендована література:
[6, 7, 8]

ТЕМА 2. *СУЧАСНІ ЗНАННЯ ПРО ГЕНИ ТА БІЛКИ* ***(12 ГОД).***

Лекція 2. *СУЧАСНІ ЗНАННЯ ПРО ГЕНИ ТА БІЛКИ* ***(2 год.)***

Практичне заняття 2 (2 год.)
Основні методи протеомних досліджень: мас-спектрометрія, двомірний гель-електрофорез, рідинна хроматографія, афінні методи.

Завдання для самостійної роботи (8 год.)
Особливості просторової структури білка.
Зв'язок структури білка з геномами.
Пенетрантність і експресивність.
Рекомбінація генів.
Кросинговер, його механізми.
Мітотичний кросинговер.
Рекомбінація в межах гену.
Карти зчеплення.

Контрольні запитання та завдання:

1. Типи взаємодії між алелями одного гену.

2. Особливості просторової структури білка.

3. «Вирівнювання» амінокислотних послідовностей, пошук білкових «мотивів».

4. Бази даних амінокислотних послідовностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database).

Рекомендована література:

[6, 7, 8]

Тема 3. *БІЛОК-ДНКові ТА БІЛОК–БІЛКОВІ ВЗАЄМОДІЇ* ***(12 год.)***

Лекція 3. *БІЛОК-ДНКові ТА БІЛОК–БІЛКОВІ ВЗАЄМОДІЇ* ***(2 год.)***

Практичне заняття 3 (2 год.)

Методи аналізу та моделювання просторової структури білків

Завдання для самостійної роботи (8 год.)

Сервери Internet та програми, що керуються операційною системою (ОС) Windows

Методи аналізу білків на рівні первинної структури

Аналіз на рівні просторової структури

Моделювання структури білків

Моделювання просторової структури COOH-кінцевого цитокінподібного модуля цитоплазматичної тирозил-тРНК синтетази ссавців

Контрольні запитання та завдання:

Техніка ChIP-Chip.

Техніка ChIP-Seq.

Методи, що застосовуються для вивчення білок-білкових взаємодій.

Білкові чіпи. передбачення потенційних сайтів пост-трансляційних модифікацій білків і білок-білкових взаємодій.

Рекомендована література:

[2-9]

Тема 4. *ТЕХНОЛОГІЯ РЕКОМБІНАНТНИХ ДНК* (***12 год.)***

Лекція 4. *ТЕХНОЛОГІЯ РЕКОМБІНАНТНИХ ДНК* ***(2 год.)***

Практичне заняття 2 (2 год.)

Екстракція ДНК із рослинних тканин

Завдання для самостійної роботи (8 год.)

Методи екстракції ДНК
Особливості екстракції ДНК із бактерій
Особливості екстракції ДНК із лімфоцитів крові
Особливості екстракції ДНК із рослинних тканин

Контрольні запитання та завдання:

1. *Еволюція геномів.*
2. *Генетичний поліморфізм.*
3. *Горизонтальний перенос генів.*
4. *Рекомбінантні ДНК.*
5. *Мутагенез* in vitro.
6. *Технологія рекомбінантних ДНК в еукаріотах.*
7. *Генна терапія*

Рекомендована література:

[1-3, 5, 6]

ЗМІСТОВИЙ МОДУЛЬ 2

Структурна та функціональна геноміка

Тема 5. *СТРУКТУРНА ГЕНОМІКА* ***(24 год.)***

Лекція 5-6. *СТРУКТУРНА ГЕНОМІКА* ***(4 год.)***

Практичне заняття 5 (2 год)

Біоінформатичний аналіз.

Практичне заняття 6 (2 год)

Генні мережі.

Завдання для самостійної роботи (16 год.)

Сучасні технології отримання кДНК-бібліотек.
Можливості використання біоінформатичного аналізу у власних дослідженнях.

Контрольні запитання та завдання:

1. *Біоінформатичний аналіз, особливості застосування.*
2. *Сучасні технології отримання кДНК-бібліотек.*
3. *Комп'ютерний аналіз.*
4. *Кластер UniGene.*
5. *Генні мережі*

Рекомендована література:

[рекомендовані сайти з базами даних]

Тема 6. *ХРОМОСОМНІ КАРТИ ВИСОКОЇ РОЗДІЛЬНОЇ ЗДАТНОСТІ* ***(12 год.)***

Лекція 7. *ХРОМОСОМНІ КАРТИ ВИСОКОЇ РОЗДІЛЬНОЇ ЗДАТНОСТІ* ***(2 год.)***

Практичне заняття 7 (2 год)

Рестрикція геномної ДНК еукаріот

Завдання для самостійної роботи (8 год.)

Сайти рестрикції.
Метилювання ДНК та його вплив на роботу нуклеаз.
Визначення концентрації ДНК у розчині.
Візуалізація рестрикційних фрагментів ДНК.
Гібридизація in situ.

Контрольні запитання та завдання:

1. *Визначення локусів на хромосомах.*
2. *Метод електрофорезу, особливості використання.*
3. *Соматичні клітинні гібриди.*
4. *Хромосомні карти.*
5. *Гібридизація in situ.*

Рекомендована література:

[1-6]

Тема 7. *КАРТУВАННЯ ГЕНОМІВ* ***(11 год.)***

Лекція 8. *КАРТУВАННЯ ГЕНОМІВ* ***(2 год.)***

Практичне заняття 8 (2 год)

ПЛР: Підбір праймерів для ПЛР. Проведення ПЛР-ампліфікації ДНК.

Завдання для самостійної роботи (8 год)

ПЛР, особливості методу та можливості його застосування.
Стадії ПЛР.
Вплив температури на перехід до наступної стадії.
Праймери, прямі та зворотні.
Склад реакційної суміші для проведення ПЛР.

Контрольні запитання та завдання:

1. *Фізичне картування геномів.*

2. *Методи аналізу повної послідовності хромосомної ДНК.*
3. *Клонування і картування хромосом.*
4. *Секвенування геномів.*
5. *Використання геномних карт в генетичному аналізі.*

Рекомендована література:
[1-12]

ТЕМА 8. *ФУНКЦІОНАЛЬНА ГЕНОМІКА* ***(12 год.)***

Лекція 9. *ФУНКЦІОНАЛЬНА ГЕНОМІКА* ***(2 год.)***

Практичне заняття 9 (2 год)

Геноми дріжджів (Saccharomyces cerevisiae), черв'яка (Caenorhabditis elegans), рослин (Arabidopsis thaliana), плодової мушки (Drosophila melanogaster) і людини (Homo sapiens), особливості.

Завдання для самостійної роботи (8 год.)

Метод in situ гібридизація.
Метод ДНК-footprinting.
Метод експериментального мутагенезу.
Метод використання трансгенних тварин.
Метод нокауту генів.

Контрольні запитання та завдання:

1.Задачі функціональної геноміки.
2. Ортологічні і паралогічні гени
3. Передбачення функцій білка.
4. Недоліки комп'ютерних методів визначення функції гена.
5. Геном дріжджів (Saccharomyces cerevisiae).
6. Геном черв'яка (Caenorhabditis elegans).
7. Геном рослин (Arabidopsis thaliana).
8. Геном плодової мушки (Drosophila melanogaster).
9. Геном людини (Homo sapiens).

Рекомендована література:
[2, 3, 8, 10-12]

ТЕМА 9. *МЕТОДИ ФУНКЦІОНАЛЬНОЇ ГЕНОМІКИ* ***(12 год.)***

Лекція 10. *МЕТОДИ ФУНКЦІОНАЛЬНОЇ ГЕНОМІКИ* ***(2 год.)***

Практичне заняття 10 (2 год)

Програмне забезпечення. Бази даних геномів, іРНК та білків.

Завдання для самостійної роботи (8 год.)

Майбутнє геноміки.
Геноміка для сільського господарства і біотехнології.
Геноміка для медицини.
Етичні проблеми

Контрольні запитання та завдання:

1. *Метод in situ гібридизація.*
2. *Метод ДНК-footprinting.*
3. *Метод експериментального мутагенезу.*
4. *Метод використання трансгенних тварин.*
5. *Метод нокауту гену.*
6. *Бази білкових доменів.*
7. *Майбутнє геноміки.*
8. *Геноміка для сільського господарства і біотехнології.*
9. *Геноміка для медицини.*
10. *Етичні проблеми геноміки.*

Рекомендована література:

[4, 8]

Контроль знань і розподіл балів, які отримують здобувачі

Контроль здійснюється за модульно-рейтинговою системою.

У змістовий модуль 1 (ЗМ1) входять теми 1-4, у змістовий модуль 2 (ЗМ2) – теми 5-9.

Види контролю – поточний і підсумковий.

Поточний контроль здійснюється під час проведення навчальних занять і має на меті перевірку засвоєння студентами навчального матеріалу. Форма проведення поточного контролю під час навчальних занять: усне опитування, письмовий контроль, тестовий, самооцінювання, перевірка практичних навичок.

Обов'язковим для допуску до екзамену є відпрацювання всіх практичних занять. У випадку відсутності студента, він може відпрацювати пропущене заняття у позааудиторний час (пропущених занять не може бути більше половини від загальної кількості занять).

Оцінювання за формами поточного контролю:

Коефіцієнт – 1,5

	ЗМ1		***ЗМ2***	
	Min. – 12 балів	*Max. – 20 балів*	*Min. – 18 балів*	*Max. – 30 балів*
Практична	*„3" x 4 = 12*	*„5" x 4 = 20*	*„3" x 6 = 18*	*„5" x 6 = 30*

робота				
«3/5» – мінімальна/максимальна оцінка, яку може отримати аспірант.				

Для здобувачів, які набрали сумарно меншу кількість балів ніж *критично-розрахунковий мінімум* ***45*** *балів*, для допуску до екзамену обов'язкове проходження додаткового тестування.

Допуск до екзамену проводиться на останньому практичному занятті і складається із суми балів усіх змістових модулів.

При простому розрахунку отримаємо:

	Змістовий модуль 1	Змістовий модуль 2	Залік (підсумкова оцінка)
Мінімум	18	27	60 (45-практ)
Максимум	**30**	**45**	**100 (75-практ)**

При цьому, кількість балів:

- **1-34** відповідає оцінці «незадовільно» з обов'язковим повторним вивченням дисципліни;
- **35-39** відповідає оцінці «незадовільно» з можливістю повторного складання;
- **40-60** відповідає оцінці «задовільно» («достатньо»);
- **61-69** відповідає оцінці «задовільно»;
- **70 - 80** відповідає оцінці «добре»;
- **81 - 89** відповідає оцінці «добре» («дуже добре»);
- **90 - 100** відповідає оцінці «відмінно».

Шкала оцінювання академічної успішності аспіранта

Рівень досягнень, % /Marks, (бали за освітню діяльність)	Оцінка ЄКТС/ECTS	Оцінка за національною шкалою (National grade)
90 – 100	**A**	**відмінно** (Excellent)
82 – 89	**B**	**добре** (Good)
74 – 81	**C**	
64 – 73	**D**	**задовільно** (Satisfactory)
60 – 63	**E**	
35 – 59	**FX**	**незадовільно** (Fail) з можливістю повторного складання
1 – 34	**F**	**незадовільно** (Fail) з обов'язковим повторним вивченням дисципліни

Методи навчання

Пояснювально-ілюстративні, частково-пошукові, проблемного навчання, дослідницькі.

Технічні засоби навчання

Проектор мультимедійний Epson EMP-S42, 2 , рік введення в експлуатацію – 2004; ноутбук, екран, Zoom/Google Meet — сервіси для дистанційного навчання та онлайн консультацій.

Матеріальне забезпечення дисципліни

Аудиторії, лабораторії клітинної біології та біотехнології, біоінформатики, молекулярної генетики.

Політики навчальної дисципліни

Рекомендації щодо роботи на курсі. Здобувачам освіти рекомендується брати активну участь у всіх формах роботи під час занять, приділяти щоденно 1–2 години самостійній роботі та підготовці до занять, ставити запитання під час занять, своєчасно виконувати та здавати всі завдання, а також проходити всі передбачені форми контролю.

Відвідування занять. Відвідування лекційних і практичних занять є обов'язковим. У разі запізнення більш ніж на 5 хвилин здобувач(ка) освіти може бути не допущений(на) до заняття. Пропущені заняття підлягають відпрацюванню відповідно до Положення про організацію освітнього процесу в аспірантурі Державної установи «Інститут харчової біотехнології та геноміки Національної академії наук України»: https://ifbg.org.ua/uk/293/normatyvno-pravove-ta-metodychne-zabezpechennya-navchannya-v-aspiranturi

Академічна доброчесність. У ДУ «ІХБГ НАН України» дотримуються принципу нульової толерантності до порушень академічної доброчесності та етики академічних взаємовідносин. Будь-які порушення цих принципів тягнуть за собою відповідальність відповідно до встановленого порядку: https://ifbg.org.ua/uk/293/normatyvno-pravove-ta-metodychne-zabezpechennya-navchannya-v-aspiranturi

Використання електронних гаджетів та інструментів штучного інтелекту. Використання електронних пристроїв та інструментів штучного інтелекту під час занять допускається лише з дозволу викладача.

Політика щодо осіб з особливими освітніми потребами. Здобувачі освіти з особливими освітніми потребами повинні завчасно звернутися до викладача з метою розроблення індивідуальної освітньої траєкторії. Орієнтовний час відповіді викладача — до 24 годин.

РЕКОМЕНДОВАНА ЛІТЕРАТУРА

1. «Молекулярна біологія клітини» (англ. Molecular Biology of the Cell) (*5-е видання, довідник*) .- Львів: Видавничий дім «Наутілус», 2018.- 1728 с.
2. Основи молекулярної біології-1. Молекулярна біологія ДНК. Лабораторний практикум: навчальний посібник для студентів спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / А. І. Степаненко, О. Р. Лахнеко, Л. В. Маринченко, М. О. Банникова ; КПІ ім. Ігоря Сікорського, Інститут клітинної біології та генетичної інженерії. –К.: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2021. – 70 с.
3. Cell and Molecular Biology. Author, S. C. Rastogi. Publisher, New Age International, 1996. ISBN, 8122412882, 9788122412888. Length, 502 p..
4. Tom Strachan, Anneke Lucassen, Patrick Chinnery. Genetics and Genomics in Medicine. CRC Press, 2022. 544 p.
5. Одинець К. О., Корнелюк О. І. Методи аналізу та моделювання просторової структури білків // Наукові записки НаУКМА. Біологія та екологія. Т. 19, 2001. С.7-17.
6. Pamela S Soltis, Douglas E. Soltis. Plant genomes: Markers of evolutionary history and drivers of evolutionary change https://doi.org/10.1002/ppp3.10159
7. James Clark, Oriane Hidalgo, Jaume Pellicer, Hongmei Liu, Jeannine Marquardt, Yannis Robert, Maarten Christenhusz, Shouzhou Zhang, Mary Gibby, Ilia J. Leitch, Harald Schneider **…** Genome evolution of ferns: evidence for relative stasis of genome size across the fern phylogeny https://doi.org/10.1111/nph.13833
8. Modern Genetic Analysis / Anthony J.F. Griffiths, William M. Gelbart, Jeffrey H. Miller, Richard C. Lewontin. W.H. Freeman and Company, 2000. 675 p.
9. Genomics and Proteomics: Principles, Technologies, and Applications/ Edited ByDevarajan Thangadurai, Jeyabalan Sangeetha. - New York, Academic Press, 2015. - 434 p. https://doi.org/10.1201/b18597
10. Genomic, Proteomics, and Biotechnology/ Edited By RC Sobti, Manishi Mukesh, Aastha Sobti. - CRC Press, 2022. – 420 p. DOI:10.1201/9781003220831
11. Molecular Plant Breeding and Genome Editing Tools for Crop Improvement/ Pradip Chandra Deka (Sir Padampat Singhania University, India), 2020. – 489 p.
12. Regulation of adaptive responses in plants(link is external) (Yastreb T.O.(link is external), Kolupaev Y.E.(link is external), Yemets A.I.(link is external), Blume Y.B.(link is external), Eds.), 2024, Nova Science Publishers: New York, 402 p. https://doi.org/10.52305/TXQB2084

Інтернет-джерела:

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ сервер Національного центру інформаційної біотехнології: Analysis of Complete Genomes, BioNLP, Clusters of Orthologous Groups (COGs), Genetics Analysis Software, HistoneDB2.0 with variants, IBIS, LogOddsLogo, MutaBind, MutaGene, SNPDelScore .Structure

https://www.ebi.ac.uk/ сервер Європейського біоінформаційного інституту

https://web.expasy.org/docs/swiss-prot_guideline.html бази даних Swiss-Prot, TrEmbl, UniProt на сервері ExPASy (Expert Protein Analysis System) Швейцарськьго Інституту Біоінформатики SIB

http://www.genebio.com/ сайт компанії GeneBio (Geneva Bioinformatics S.A.) з інформацією із протеомних баз даних: SWISS-PROT, PROSITE, SWISS-2DPAGE та відповідних програмних додатків

https://www.uicc.org/ сайт Міжнородного протиракової спільноти

https://www.europeancancer.org/ сайт Європейської онкологічної організації (European CanCer Organisation)

https://www.bioscience.org/ сайт з інформацією про досягнення експериментальної медицини та біології (електронний журнал із повними текстовими статтями, база даних по структурі геному, амінокислот, ферменти, медичні атласи та ін.)

https://www.sciencemag.org/ сайт журналу SCIENCE

https://www.sciencedirect.com/ база даних публікацій Scopus

https://www.rcsb.org/structure/ база даних білкових молекул Protein Data Bank (PDB), Biological Macromolecular Structures Enabling Breakthroughs in Research and Education