

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ

Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна

Кафедра біохімії

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

Проректор з науково-педагогічної роботи

«_____» _____ 20__ р.

Робоча програма навчальної дисципліни

Дослідження біополімерів та
біоінформатика

(назва навчальної дисципліни)

спеціальність
(напряму)

091 Біологія

(шифр, назва напрямку)

спеціалізація

Біохімія

(назва спеціалізації)

факультет

біологічний

(назва підрозділу)

2017/2018 навчальний рік

Програму рекомендовано до затвердження Вченою радою біологічного факультету

“ 31 ” серпня . 2017 року, протокол № 8

РОЗРОБНИКИ ПРОГРАМИ:

Нікітченко Ірина Василівна, к. б. н.,
ст. наук. сп., доцент кафедри біохімії
Бараннік Тетяна Володимирівна, к. б. н.,
доцент, доцент кафедри біохімії

Програму схвалено на засіданні кафедри _____ біохімії _____.

Протокол від “ 30 ” серпня _____ 2017 року, № 1 _____.

Завідувач кафедри _____ біохімії _____.

_____ (Перський Є. Е.)
(підпис) (прізвище та ініціали)

Програму погоджено методичною комісією

_____ біологічного факультету _____

(назва факультету, для здобувачів вищої освіти якого викладається навчальна дисципліна)

Протокол від “ 30 ” серпня _____ 2017 року № 1 _____

Голова методичної комісії _____ біологічного факультету _____.

_____ (Мартиненко В.В.)
(підпис) (прізвище та ініціали)

Вступ

Програма навчальної дисципліни «Дослідження біополімерів та біоінформатика».

складена відповідно до освітньо-професійної програми підготовки

другого (магістерського) рівня вищої освіти

спеціальності 091 – Біологія.

спеціалізації Біохімія.

1. Опис навчальної дисципліни

1.1. Метою викладання навчальної дисципліни є формування у студентів системи уявлень про методологію досліджень біополімерів та здобуття практичних навичок аналізу біополімерів за допомогою сучасних біохімічних та комп'ютерних методів.

1.2. Основними завданнями вивчення дисципліни «Дослідження біополімерів та біоінформатика» є (1) здобуття знань про методи виділення, очищення, якісного і кількісного аналізу біополімерів, (2) набуття навичок дослідження біополімерів методами практичної біохімії та біоінформатики.

1.3. Кількість кредитів – 4

1.4. Загальна кількість годин – 120

| 1.5. Характеристика навчальної дисципліни | |
|---|-----------------------|
| За вибором | |
| Денна форма навчання | Заочна форма навчання |
| Рік підготовки | |
| 1-й | 1-й |
| Семестр | |
| 1-й | 1-й |
| Лекції | |
| - | - |
| Практичні, семінарські заняття | |
| - | - |
| Лабораторні заняття | |
| 64 год | 20 год |
| Самостійна робота | |
| 56 год. | 100 год. |
| Індивідуальні завдання | |
| | |

1.6. Заплановані результати навчання: (1) Знання: системні уявлення про структуру та фізико-хімічні властивості біополімерів: нуклеїнових кислот та білків; знання принципів сучасних методів дослідження біополімерів (на прикладі нуклеїнових кислот), основних підходів до пошуку та аналізу біологічної інформації щодо структури і функцій біополімерів.

(2) Вміння: підбирати та адекватно застосовувати методи виділення, очищення й аналізу нуклеїнових кислот відповідно до виду біологічного зразка та мети і задач експерименту; планувати та здійснювати дослідження нуклеїнових кислот і їх компонентів, аналізувати отримані результати, формулювати висновки, вміння знайти інформацію в базах знань та геномних браузерях щодо конкретного протеїну або гену (пошук послідовностей, пошук гомологів, пошук даних про просторову структуру, взаємодію з іншими молекулами), надавати характеристики препаратам нуклеїнових кислот за результатами їх якісного та кількісного аналізу, використовуючи відповідну термінологію, навички самостійного вибору методів дослідження нуклеїнових кислот та практичне застосування отриманих знань при вирішенні завдань відповідно до спеціалізації; вміння самостійно знайти відповідні біоінформаційні інструменти для аналізу біологічних молекул.

2. Тематичний план навчальної дисципліни

Розділ 1. Методи кількісного визначення нуклеїнових кислот у біологічних зразках.

Тема 1. Методи кількісного визначення нуклеїнових кислот, що ґрунтуються на визначенні вмісту їх складових компонентів: азотистих основ, пентоз і фосфору нуклеїнових кислот. Спектрофотометричне визначення сумарного вмісту нуклеїнових кислот за методом О.С. Спіріна. Спектрофотометричне визначення ДНК і РНК за методом Цанєва і Маркова. Оцінка чистоти препаратів ДНК та РНК і ступеня деградації нуклеїнових кислот. Електрофоретичний метод оцінки концентрації препаратів ДНК або РНК за інтенсивністю флуоресценції у УФ-світлі.

Розділ 2. Методи виділення та очистки нуклеїнових кислот.

Тема 2. Критерії вибору найбільш оптимального методу виділення нуклеїнових кислот. Методи очистки нуклеїнових кислот (виділення/осадження, хроматографія, центрифугування, афінне розділення). Особливості роботи з ДНК. Виділення і очистка ДНК за методом Мармура.

Тема 3. Особливості роботи з РНК. Виділення препарату РНК методом фенольної екстракції (лізис клітинних мембран додецилсульфатом натрію, екстракція фенолом, осадження етанолом РНК).

Розділ 3. Електрофоретичні методи фракціонування та аналізу нуклеїнових кислот.

Тема 4. Гель-електрофорез. Особливості електрофорезу нуклеїнових кислот. Маркери розмірів ДНК і РНК. Фарбування нуклеїнових кислот після електрофорезу. Електрофорез

сумарної РНК у агарозополіакриламідному гелі. Фарбування РНК після електрофорезу, сканування електрофореграм і розрахунок процентного вмісту кожної фракції РНК.

Розділ 4. Аналіз нуклеїнових кислот та білків методами біоінформатики.

Тема 5. Аналіз послідовностей біополімерів.

Сучасні уяви про порівняння послідовностей білків та нуклеїнових кислот. Програмне забезпечення для парного вирівнювання послідовностей білків та нуклеїнових кислот. Пошук гомологів. NCBI Blast. Множинне вирівнювання НК та білків. Clustal. Використання результатів вирівнювання. Оцінка консервативності і виявлення функціональних фрагментів у структурі білків. Мотиви. Паттерни. Pfam. PROSITE.

Тема 6. Основи структурної біоінформатики

Візуалізація і моделювання структур білків. PDB: загальна характеристика, загрузка даних, формати файлів. Класифікація білків за особливостями просторової структури. Scop. CATH. Сучасні методи передбачення просторової структури білків. Застосування даних хемоінформатики: бази даних біологічно активних речовин. Різновиди докінгу біомолекул.

3. Структура навчальної дисципліни

| Назви розділів і тем | Кількість годин | | | | | | | | | | | |
|--|-----------------|--------------|---|-----|-----|-----|--------------|--------------|---|----|-----|-----|
| | Денна форма | | | | | | Заочна форма | | | | | |
| | Усього | у тому числі | | | | | Усього | у тому числі | | | | |
| | | л | п | л.б | інд | с.р | | л | п | лб | інд | с.р |
| Розділ 1. Методи кількісного визначення нуклеїнових кислот у біологічних зразках | | | | | | | | | | | | |
| Тема 1. Методи кількісного визначення нуклеїнових кислот. Спектрофотометричне визначення вмісту нуклеїнових кислот за методом Цанева і Маркова | 20 | | | 10 | | 10 | 20 | | | 7 | | 13 |
| Разом за розділом 1 | 20 | | | 10 | | 10 | 20 | | | 7 | | 13 |
| Розділ 2. Методи виділення та очистки нуклеїнових кислот | | | | | | | | | | | | |
| Тема 2. Методи очистки нуклеїнових кислот. Особливості роботи з ДНК. Виділення і очистка ДНК за методом Мармура. | 20 | | | 12 | | 8 | 20 | | | | | 20 |

| Назви розділів і тем | Кількість годин | | | | | | | | | | | |
|---|-----------------|--------------|---|-----------|-----|-----------|--------------|--------------|---|-----------|-----|------------|
| | Денна форма | | | | | | Заочна форма | | | | | |
| | Усього | у тому числі | | | | | Усього | у тому числі | | | | |
| | | л | п | л.б | інд | с.р | | л | п | лб | інд | с.р |
| Тема 3. Виділення препарату РНК методом фенольної екстракції. Особливості роботи з РНК. | 20 | | | 12 | | 8 | 20 | | | 8 | | 12 |
| Разом за розділом 2 | 40 | | | 24 | | 16 | 40 | | | 8 | | 32 |
| Розділ 3. Електрофоретичні методи фракціонування та аналізу нуклеїнових кислот | | | | | | | | | | | | |
| Тема 4. Гель-електрофорез. Особливості електрофорезу нуклеїнових кислот. Електрофорез сумарної РНК у поліакриламідно-агарозному гелі. | 24 | | | 14 | | 10 | 24 | | | | | 24 |
| Разом за розділом 3 | 24 | | | 14 | | 10 | 24 | | | | | 24 |
| Розділ 4. Аналіз нуклеїнових кислот та білків методами біоінформатики | | | | | | | | | | | | |
| Тема 5. Аналіз послідовностей біополімерів | 18 | | | 8 | 5 | 5 | 18 | | | 3 | 5 | 10 |
| Тема 6. Основи структурної біоінформатики | 18 | | | 8 | 5 | 5 | 18 | | | 2 | 5 | 11 |
| Разом за розділом 4 | 36 | | | 16 | 10 | 10 | 36 | | | 5 | 10 | 21 |
| Усього годин | 120 | | | 64 | | 56 | 120 | | | 20 | | 100 |

4. Темі лабораторних занять

| № з/п | Назва теми | Кількість годин | |
|-------|--|-----------------|--------------|
| | | Денна форма | Заочна форма |
| 1. | Спектрофотометричне визначення вмісту нуклеїнових кислот за методом Цанева і Маркова | 10 | 7 |
| 2. | Виділення препарату РНК методом фенольної екстракції Оцінка чистоти препарату РНК | 12 | 8 |
| 3. | Електрофорез сумарної РНК у поліакриламідно-агарозному гелі | 14 | |
| 4. | Виділення і очистка ДНК за методом Мармура. Оцінка чистоти препарату ДНК | 12 | |
| 5. | Пошук гомологів та вирівнювання послідовностей білків та НК: NCBI- BLAST. Множинне вирівнювання та його застосування. UniProt, Pfam, Prosite, InterPro | 6 | 2 |

| № | Назва теми | Кількість годин | |
|----|---|-----------------|----|
| | | | |
| 6. | Геномні браузері. Ensembl. UCSC. | 2 | 1 |
| 7 | Аналіз структури білків: БД PDB. Просторове (структурне) вирівнювання. Моделювання структури. PubChem. Chebi. Докінг. | 6 | 1 |
| 8 | <i>Залікове заняття.</i> | 2 | 1 |
| | Разом | 64 | 20 |

5. Завдання для самостійної роботи

| № з/п | Назва теми | Кількість годин | |
|-------|---|-----------------|--------------|
| | | денна форма | заочна форма |
| 1. | Методи кількісного визначення нуклеїнових кислот. | 10 | 13 |
| 2. | Методи очистки нуклеїнових кислот. Особливості роботи з ДНК. | 8 | 20 |
| 3. | Виділення препарату РНК методом фенольної екстракції. Особливості роботи з РНК. | 8 | 12 |
| 4. | Гель-електрофорез. Особливості електрофорезу нуклеїнових кислот. | 10 | 24 |
| 5. | Аналіз послідовностей біополімерів | 10 | 15 |
| 6. | Основи структурної біоінформатики | 10 | 16 |
| | Разом | 56 | 100 |

6. Індивідуальні завдання

Характеристика гена білку з використанням баз знань (NCBI Gene, UniProt, Ensembl, ін.).

Надається за планом 1) локус в хромосомі, 2) число екзонів, число ізоформ, 3) мРНК - число нуклеотидів в найбільшій ізоформі, 4) число амінокислот у білку, 5) наявність даних про просторову структуру (число PDB, номер структури з найбільшою послідовністю), 6) фенотип – зв'язок з патологіями, номер в OMIM, 7) генна онтологія (молекулярна функція), шифр класифікації для ферменту, 8) зовнішні посилання на метаболічний шлях або шлях сигналінгу, 9) взаємодії білку (загальна кількість – за базою UniProt, String, приклади білків-партнерів, 10) філогенетика - приклад філогенетичного дерева (завантажується готове з бази Phyloip або ін.). На повну відповідь за кожним пунктом надається 1 бал. Сума балів максимум – 10.

7. Методи контролю

Методи усного контролю (здійснюється усне опитування з метою контролю засвоєння теоретичних положень, що необхідні для виконання лабораторної роботи), методи письмового контролю (підсумковий семестровий контроль – залік), контроль за веденням лабораторного журналу.

Схема нарахування балів

| Поточний контроль, самостійна робота, індивідуальні завдання | | | | | | Індивідуальне завдання | Разом | Залікова робота | Сума |
|--|----------|----|----------|----------|----|------------------------|-------|-----------------|------|
| Розділ 1 | Розділ 2 | | Розділ 3 | Розділ 4 | | | | | |
| T1 | T2 | T3 | T4 | T5 | T6 | | | | |
| 10 | 10 | 10 | 10 | 5 | 5 | 10 | 60 | 40 | 100 |

T1, T2 ... – теми розділів

За успішне виконання лабораторної роботи з однієї теми розділів 1-3 (самостійна робота на лабораторних заняттях, оформлення протоколу у лабораторному журналі і захист результатів) студентам присвоюється максимум 10 балів. За лабораторні роботи з однієї теми розділу 4 (виконання на занятті) надається максимум 5 балів. Індивідуальне завдання оформлюється письмово й оцінюється максимально у 10 балів. Підсумковий контроль (залік) проводиться у вигляді письмової контрольної роботи, завдання якої охоплюють основні питання розділів.

Шкала оцінювання

| Сума балів за всі види навчальної діяльності протягом семестру | Оцінка за національною шкалою | |
|--|-------------------------------------|----------------------------------|
| | для чотирирівневої шкали оцінювання | для дворівневої шкали оцінювання |
| 90–100 | відмінно | зараховано |
| 70–89 | добре | |
| 50–69 | задовільно | |
| 1–49 | незадовільно | не зараховано |

9. Рекомендована література

Основна література до розділів 1-3

1. Антонова О. С., Корнева Н. А., Белов Ю. В., Курочкин В. Е.// Эффективные методы выделения нуклеиновых кислот для проведения анализов в молекулярной биологии (обзор). / Научное приборостроение.- 2010, Т. 20, № 1- С.3-9.
2. Лабораторное руководство по хроматографическим и смежным методам. Пер. с англ./ Под ред О. Микеша. - М.:Мир, 1982.- Ч.1 - 400 с.
3. Лабораторное руководство по хроматографическим и смежным методам. Пер. с англ./ Под ред О. Микеша. - М.:Мир, 1982.- Ч.2 - 381 с.
4. Маниатис Т., Э. Фрич, Дж. Сэмбрук Методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование. М.: Мир, 1984.
5. Молекулярная клиническая диагностика. Методы. Пер. с англ. (под ред. С Херрингтона, Дж. Макги. – М.: Мир, 1999. – 558 с.
6. Остерман Л.А. Методы исследования белков и нуклеиновых кислот: Электрофорез и ультрацентрифугирование (практическое пособие). М.: Наука, 1981.-288 с.
7. Остерман Л.А. Хроматография белков и нуклеиновых кислот. М.: Наука, 1985.-536 с.
8. Практикум по биохимии: Учеб. пособие/Под ред. С. Е. Северина, Г. А. Соловьевой. – М.:Изд.-во МГУ, 1989. – 509 с.
9. Спирин А.С. Спектрофотометрическое определение суммарного количества нуклеиновых кислот /Биохимия//1958. – Т. 23. – вып. 5. – с. 656–662.
10. Цанев Р. Г., Марков Г. Г. К вопросу о количественном спектрофотометрическом определении нуклеиновых кислот /Биохимия//1960. – Т. 25. – вып. 1. – с. 151–159.
11. Электрофорез в разделении биологических макромолекул. // Гааль Э., Медьеша Г., Верецкей Л./ Пер. с англ. - М.:Мир, 1982. - 448 с.

Основна література до розділу 4

12. Игнасимуту С. Основы биоинформатики.- М.- Ижевск: НИЦ "Регулярная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований.– 2007.– 320 с.

13. Леск А. Введение в биоинформатику/ А.Леск; пер. с англ.- М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009.- 318 с.
14. Шмараков І.О. Біоінформатика: навчально-методичний посібник / І.О. Шмараков, М.М. Марченко. – Чернівці: Рута, 2008. – 76 с.
15. Огурцов А.Н. Основы биоинформатики: учеб.пособие.– Харьков: НТУ "ХПИ", 2013.- 400 с.
16. Потапов В. В., Потапова У. В., Феранчук С. И., Приставка А. А., Беликов С. И. Решение задач биоинформатики при помощи веб- и интернет-сервисов: учебно-методическое пособие. - Иркутск, гос. ун-т, 2011. - 50 с.

Допоміжна література для розділів 1-4

1. Великов В. А. Молекулярная биология. Практическое руководство: Учеб. пособие для студ. биол. фак. и фак. нано- и биомед. технол.. – Саратов: Издательство «Саратовский источник», 2013. – 84 с.: ил.
2. Девис Р., Бодстайн Д., Рот Дж. Методы генетической инженерии. Генетика бактерий: Пер. с англ. – М.: Мир, 1984. – 176 с., ил.
3. Кнорре Д.Г., Мызина С.Д. Биологическая химия. – М.: Высш. шк., 2000. – 479 с.
4. Сиволоб, А.В. Молекулярна біологія : підручник. К. : Вид.-поліграф. центр Київський університет, 2008. - 384 с.
5. Транскрипция и трансляция. Методы: Пер. с англ./Под ред. Б. Хеймса и С. Хиггинса. – М.: Мир, 1987. 400 с., ил.
6. Jeremy W. Dale, Malcolm Von Schantz From Genes to Genomes: Concepts and Applications of DNA Technology/ John Wiley & Sons Ltd, 2002. – 360 pp.
7. Lesk A.M. Introduction to Bioinformatics. Second edition.– Oxford, UK: Oxford University Press.– 2005.– 360 p.
8. Westhead D.R., Parish J.H., Twyman R.M. Bioinformatics. – Oxford, UK: BIOS Scientific Publishers Ltd.– 2002.– 257 p.

10. Посилання на інформаційні ресурси в Інтернеті, відео-лекції

Відео-лекції, дистанційні курси

<https://www.coursera.org/learn/bioinformatika>

Підручники, наукові монографії, обзори www.molbiol.ru

Адреси баз знань та біоінформаційних серверів

NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Ensembl <http://www.ensembl.org/index.html>

UCSC <http://www.genome.ucsc.edu/>

UniProt <http://www.uniprot.org/>

BLAST: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Clustal <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

InterPro <http://www.ebi.ac.uk/interpro/>

Pfam <http://pfam.sanger.ac.uk/>

PROSITE <http://prosite.expasy.org/>

PDB <http://www.rcsb.org/pdb/>

SCOP <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/>

CATH <http://www.cathdb.info/class.html>

Chebi <https://www.ebi.ac.uk/chebi/>

E-molecules <http://www.emolecules.com/index.php>

PubChem <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>