

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СЕВЕРО-КАВКАЗСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

Методические указания

для обучающихся по организации и проведению самостоятельной работы
по дисциплине

«ПРОТЕОМИКА»

для студентов направления подготовки

06.04.01 Биология

Направленность (профиль) Клеточные и генетические технологии

ВВЕДЕНИЕ

Целью освоения дисциплины «Протеомика» является подготовка специалистов для фундаментальной и прикладной науки в области клеточной биологии, цитологии, гистологии, обладающих современными теоретическими знаниями, способных формулировать научные и прикладные задачи.

В результате освоения дисциплины студент должен **знать**:

- о понятии геном человека;
- о методах изучения генома человека; о наследственных заболеваниях, типированных в геноме человека;
- о поиске генов-кандидатов при мультифакторных заболеваниях;
- о нетрадиционных (неменделевских) типах наследования заболеваний;
- об особенностях диагностики наследственных заболеваний и наследственных синдромов. основные задачи протеомики для биологии человека и профилактической медицины;
- информацию об экспрессии, функции и регуляции протеинов в организме человека вопросы общей нозологии с учетом требований современной медикобиологической науки;
- основные механизмы возникновения и развития типовых патологических процессов;
- структурную основу взаимодействия и функции белков;
- основные клинико-биохимические параметры системы крови и других биологических сред организма в норме и патологии.

Должен уметь:

- применять клинический метод мышления при диагностике наследственных заболеваний и синдромов;
- проводить дифференциальную диагностику между нозологическими группами наследственных заболеваний;
- ориентироваться в современных методах типирования генных заболеваний в геноме человека; моделировать типовые патологические процессы;
- идентифицировать здоровые и патологически измененные ткани человека;
- выделять ведущие и второстепенные звенья патогенеза различных форм патологии;
- проводить патофизиологический анализ клинических ситуаций;
- диагностировать пептидные и белковые паттерны в плазме крови, характерные для определенного заболевания.

Должен владеть:

- информацией о возможностях молекулярно-генетической диагностики в РФ для пациентов с наследственными болезнями;
- специальной терминологией и навыками для самостоятельного применения полученных знаний.
- навыком работы с учебниками, атласами для совершенствования знаний по протеомике;
- навыком выявления наиболее показательных форм патологии на основе дополнительных методов клинико-биохимического исследования;
- навыком проведения бесед, тематических семинаров, выступлений с докладами перед заинтересованной аудиторией;
- навыком пропаганды здорового образа жизни, качества жизни человека.

Методические рекомендации по изучению теоретического материала

При выполнении самостоятельного изучения теоретического материала студент должен руководствоваться следующими правилами. За основу рекомендуется брать рабочую программу учебной дисциплины в библиотеке СКФУ. Согласно плану-графику аудиторных занятий и самостоятельной работы, на изучение отдельных тем отводится разное количество часов. Значительная часть самостоятельной работы студента должна отводиться на усвоение материала по пройденной теме, написании конспекта по заданным теоретическим блокам, поиску дополнительной литературы на базе библиотеки СКФУ и в системе интернет.

Работа с рекомендованной литературой обязательна. Особое внимание при этом необходимо обратить на содержание основных положений и выводов, объяснение явлений и фактов, уяснение практического приложения рассматриваемых теоретических вопросов. В процессе этой работы студент должен стремиться понять и запомнить основные положения рассматриваемого материала, примеры, поясняющие его, а также разобраться в иллюстративном материале.

Заканчивать подготовку следует составлением плана (конспекта) по изучаемому материалу (вопросу). Это позволяет составить концентрированное, сжатое представление по изучаемым вопросам.

Начинать надо с изучения рекомендованной литературы. Особое внимание при этом необходимо обратить на содержание основных положений и выводов, объяснение явлений и фактов, уяснение практического приложения рассматриваемых теоретических вопросов. В процессе этой работы студент должен стремиться понять и запомнить основные положения рассматриваемого материала, примеры, поясняющие его, а также разобраться в иллюстративном материале.

Заканчивать подготовку следует составлением плана (конспекта) по изучаемому материалу (вопросу). Это позволяет составить концентрированное, сжатое представление по изучаемым вопросам.

При необходимости следует обращаться за консультацией к преподавателю. Идя на консультацию, необходимо хорошо продумать вопросы, которые требуют разъяснения.

Ведение записей способствует превращению чтения в активный процесс, мобилизует, наряду со зрительной, и моторную память. Следует помнить: у студента, систематически ведущего записи, создается свой индивидуальный фонд подсобных материалов для быстрого повторения прочитанного, для мобилизации накопленных знаний. Особенно важны и полезны записи тогда, когда в них находят отражение мысли, возникшие при самостоятельной работе.

Важно развивать у студентов умение сопоставлять источники, продумывать изучаемый материал.

Большое значение имеет совершенствование навыков конспектирования у студентов.

Преподаватель может рекомендовать студентам следующие основные формы записи: план (простой и развернутый), выписки, тезисы.

Результаты конспектирования могут быть представлены в различных формах.

План – это схема прочитанного материала, краткий (или подробный) перечень вопросов, отражающих структуру и последовательность материала. Подробно составленный план вполне заменяет конспект.

Конспект – это систематизированное, логичное изложение материала источника. Различаются четыре типа конспектов:

- План-конспект – это развернутый детализированный план, в котором достаточно подробные записи приводятся по тем пунктам плана, которые нуждаются в пояснении.
- Текстуальный конспект – это воспроизведение наиболее важных положений и фактов источника.
- Свободный конспект – это четко и кратко сформулированные (изложенные) основные положения в результате глубокого осмысливания материала. В нем могут присутствовать выписки, цитаты, тезисы; часть материала может быть представлена планом.
- Тематический конспект – составляется на основе изучения ряда источников и дает более или менее исчерпывающий ответ по какой-то схеме (вопросу).

Методические указания по подготовке к практическим занятиям

При подготовке к лабораторным занятиям рекомендуется изучить контрольные вопросы по данному занятию, теоретический материал из собственных конспектов и основной учебной литературы. Основная форма работы на занятиях – собеседование. Каждый студент должен быть готовым к выступлению по всем поставленным в плане вопросам, проявлять максимальную активность при их рассмотрении. Выступление должно строиться свободно, убедительно и аргументировано. Преподаватель следит, чтобы выступление не сводилось к репродуктивному уровню (простому воспроизведению текста), не допускается и простое чтение конспекта.

Необходимо, чтобы выступающий проявлял собственное отношение к тому, о чем он говорит, высказывал свое личное мнение, понимание, обосновывал его и мог сделать правильные выводы из сказанного. При этом студент может обращаться к записям конспекта, непосредственно к первоисточникам, использовать знание ранее изученных дисциплин и т. д.

При окончании освоения темы студент проходит итоговое тестирование. Оценка «отлично» выставляется студенту, если решено более 85% тестовых заданий, «хорошо» – если решено 70-85% тестовых заданий, «удовлетворительно» - 50-70% тестовых заданий, «неудовлетворительно» - менее 50% тестовых заданий.

Методические рекомендации по подготовке презентаций и докладов

Доклад должен содержать элементы новизны, наряду с фундаментальным аспектом должен быть проведен анализ современного состояния изучаемой проблемы, а также включенность в региональную проблематику.

Доклад должен состоять из введения, теоретической части, заключения, списка литературы и презентации, раскрывающей суть темы в графиках, картинках, схемах, формулах.

Доклад рекомендуется представлять в объеме 1 печатный лист. Текст работы должен быть напечатан через 1,5 интервала на одной стороне стандартного листа белой бумаги (А4). Текст и другие отпечатанные элементы работы должны быть черными, контуры букв и знаков – четкими, без ореола и затенения. Шрифт Times New Roman, кегель 14. Названия глав и параграфов выделяются полужирным шрифтом. Лист с текстом должен иметь поля: слева – 30 мм, справа – 10 мм, сверху – 20 мм, снизу – 20 мм. Нумерация страниц текста делается в правом нижнем углу листа. Проставлять номер страницы необходимо со страницы, где печатается «Введение», на которой ставится цифра «3». После этого нумеруются все страницы, включая приложения.

Между названием главы и названием параграфа этой главы ставится пробел равный двум интервалам, а название параграфа не должно отделяться от текста этого параграфа пробелом. Названия параграфов отделяются от текста предыдущего параграфа пробелом, равным двум интервалам. Каждая глава, а также введение, выводы, приложения и список использованной литературы начинаются с новой страницы. Слово «Глава» не пишется. Главы имеют порядковые номера в пределах всей работы, обозначаемые арабскими цифрами (например: 1, 2, 3), после которых ставится точка. Слово «параграф» или значок параграфа в названии не ставятся. Параграфы имеют порядковые номера в пределах глав, обозначаемые арабскими цифрами (например: 1.1. и 1.2.). Заголовки глав и параграфов в тексте работы должны располагаться по центру, точку в конце названия главы и параграфа не ставят. Не допускается переносить часть слова в заголовке. 4.5. Нумерация таблиц и рисунков может быть сквозной или соотноситься с номером главы и параграфа. Например, если таблица или рисунок включены в текст первого параграфа второй главы, нумерация следующая: Таблица 2.1.1., рис. 2.1.1. Последняя цифра означает порядковый номер таблицы (или рисунка) в данном параграфе. Таблица помещается в качестве следующей страницы после первого упоминания о ней в тексте.

Рекомендуемая литература.

Перечень основной литературы:

1. Вирусология и биотехнология [Электронный ресурс]: учебник / Р.В. Белоусова [и др.].- СПб: Лань, 2018.- 220 с.- ISBN 978-5-8114-2266-1. – Текст: электронный // Электроннобиблиотечная система «Лань»: [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/103898> (дата обращения: 15.05.2023). - Режим доступа: для авториз. пользователей
2. Наноструктуры в биомедицине: пер. с англ. [Электронный ресурс] / Ред. К. Гонсалвес, К. Хальберштадт, К. Лоренсин, Л. Наир.- М.: Лаб. знаний, 2015. - 538 с.– Текст: электронный //Электронно-библиотечная система «Лань»: [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/70740>. (дата обращения: 26.05.2023). - Режим доступа: для авториз. пользователей
3. Спирин, А.С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка [Электронный ресурс] : учеб. пособие / А.С. Спирин.- М.: Лаб. знаний, 2019.- 594 с.- Текст: электронный //Электроннобиблиотечная система «Лань»: [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/110208> (дата обращения: 26.05.2023). - Режим доступа: для авториз. Пользователей

Перечень дополнительной литературы:

1. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии : учебное пособие / под редакцией К. Уилсон, Дж. Уолкер; перевод с английского Т. П. Мосоловой, Е. Ю. Бозелек Решетняк. — 3-е изд. — Москва: Лаборатория знаний, 2020. — 855 с. — ISBN 978-5-00101-786- 8. — Текст: электронный // Лань: электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/151579> (дата обращения: 16.05.2023). — Режим доступа: для авториз. пользователей.

Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины

1. <https://www.minobrnauki.gov.ru/> (Официальный сайт Министерства науки и высшего образования Российской Федерации);
2. <https://www.rosminzdrav.ru/> (Официальный сайт Министерства здравоохранения Российской Федерации);
3. <http://www.obrnadzor.gov.ru/ru/> (Официальный сайт Федеральной службы по надзору в сфере образования и науки);
4. <http://www.nica.ru/> (Официальный сайт Национального аккредитационного агентства в сфере образования).

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СЕВЕРО-КАВКАЗСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

Методические указания

для обучающихся по организации и проведению лабораторных работ
по дисциплине
«ПРОТЕОМИКА»

для студентов направления подготовки
06.04.01 Биология

Направленность (профиль) Клеточные и генетические технологии

ВВЕДЕНИЕ

Целью освоения дисциплины «Протеомика» является подготовка специалистов для фундаментальной и прикладной науки в области клеточной биологии, цитологии, гистологии, обладающих современными теоретическими знаниями, способных формулировать научные и прикладные задачи.

В результате освоения дисциплины студент должен **знать:**

- о понятии геном человека;
- о методах изучения генома человека; о наследственных заболеваниях, типированных в геноме человека;
- о поиске генов-кандидатов при мультифакторных заболеваниях;
- о нетрадиционных (неменделевских) типах наследования заболеваний;
- об особенностях диагностики наследственных заболеваний и наследственных синдромов. основные задачи протеомики для биологии человека и профилактической медицины;
- информацию об экспрессии, функции и регуляции протеинов в организме человека вопросы общей нозологии с учетом требований современной медико-биологической науки;
- основные механизмы возникновения и развития типовых патологических процессов;
- структурную основу взаимодействия и функции белков;
- основные клинико-биохимические параметры системы крови и других биологических сред организма в норме и патологии.

Должен уметь:

- применять клинический метод мышления при диагностике наследственных заболеваний и синдромов;
- проводить дифференциальную диагностику между нозологическими группами наследственных заболеваний;
- ориентироваться в современных методах типирования генных заболеваний в геноме человека; моделировать типовые патологические процессы;
- идентифицировать здоровые и патологически измененные ткани человека;
- выделять ведущие и второстепенные звенья патогенеза различных форм патологии;
- проводить патофизиологический анализ клинических ситуаций;
- диагностировать пептидные и белковые паттерны в плазме крови, характерные для определенного заболевания.

Должен владеть:

- информацией о возможностях молекулярно-генетической диагностики в РФ для пациентов с наследственными болезнями;
- специальной терминологией и навыками для самостоятельного применения полученных знаний.
- навыком работы с учебниками, атласами для совершенствования знаний по протеомике;
- навыком выявления наиболее показательных форм патологии на основе дополнительных методов клинико-биохимического исследования;
- навыком проведения бесед, тематических семинаров, выступлений с докладами перед заинтересованной аудиторией;
- навыком пропаганды здорового образа жизни, качества жизни человека.

Лабораторное занятие 1-2. Развитие ОМИК технологий. Этапы развития протеомики. Приоритетные направления протеомных исследований. Результаты и имеющиеся достижения

Контрольные вопросы:

1. Основная задача протеомики.
2. Основные понятия протеомики.
3. Структурно - функциональная протеомика
4. Диагностическая.
5. Клиническая.

Цель: укрепить знания, полученные на лекциях; улучшить навыки анализа информации и использования теоретических сведений на практике.

Задачи: углубить понимание темы, дополнить знания путём выполнения практических заданий.

Протеом – это белковый комплимент генома, набор белков, продуцируемых клеткой, тканью, организмом.

Протеомика – методы и подходы для характеристики всех белков, их содержания и взаимодействия в живых организмах.

Цель протеомики – определение и характеристика полного набора белков данного организма.

Задачи протеомики:

- Подготовить полный каталог всех протеинов организма и расшифровать сеть их взаимодействий
- Систематизация знаний о белках, разработка их классификации
- Разработка методов и вычислительных средств для выявления механизмов функционирования белков.

Протеом – сложная и динамичная система, изменяется в процессе развития организма, а также при различных физиологических и патологических состояниях. Если человеческий протеом включает до 2000000 белков на 20 000 генов, то в среднем это 100 белков на 1 ген. Варьирует количество копий отдельных белков от 20 000 молекул на клетку (редкие) до 100 млн копий (распространенные). Белки, которые постоянно присутствуют в большинстве клеток – белки домашнего хозяйства (50 000 копий на клетку).

Базы данных в протеомике:

- Созданы информационные базы данных, в которые заносят все известные белки и пептиды
- Используют общие и специализированные базы данных, которые доступны в сети Интернет
- В общих базах содержатся сведения о всех известных белках живых организмов, т. е. о глобальном протеоме всего живого
- Общей базой является SwissProt - EMBL, она включает структуры более 200 000 белков, установленные аналитическими методами, и более 2 млн структур, которые определены на основе нуклеотидных последовательностей.

Уровни функционирования генома:

I. Биохимический уровень:

На основании геномного анализа видно, что биохимический уровень функционирования генома сложен и неоднозначен:

- 1) В каждом секвенированном геноме есть гены с неизвестной функцией
- 2) Объем информации об известных функциях уменьшается с увеличением сложности генома
- 3) Функцию определяют на основании гомологии с другими известными белками Это правило не всегда работает: *nif*-ген у бактерий участвует в фиксации азота, у дрожжей и других организмов выполняет другие функции. Гомология структур $\neq$ аналогия функции.

- Базовый. Базовые функции белков – расшифровать все белки, закодированные в геноме и отнести их к определенным группам - ферменты, транспортные белки, структурные белки
- Физиологический. Физиологические функции белков – выяснить биологическую активность молекул или белковых систем (аппарат транскрипции, репликации, метаболизм и т.д.)

II. Клеточный уровень. Единицей функционирования на этом уровне является клетка. Отражает внутри- и внеклеточные взаимодействия между белками или белковыми системами: -Транспорт и секреция - Движение -Регуляторные пути - Цитоскелет -Метаболические циклы - Защита и хранение Взаимодействия между белками нельзя напрямую прочесть в геноме. Они формируются аналитическим путем, включая модельные эксперименты *in vivo* и *in vitro*. Проводят кластерный анализ – распределение белков по группам, выполняющим общую функцию.

III. Организменный уровень. Это более сложно организованный уровень функционирования, чем клеточный. Этот уровень пока остается недостижимым до понимания. Пример – организация нервной системы: -Нематода (80 К-каналов, 90 лиганд-зависимых рецепторов, 1000 G-протеинзависимых рецепторов – в передаче импульса участвуют 300 нейронов) -Пчела – 1 000 000 нейронов -Человек – 100 млрд нейронов.

Ход работы:

1. Составить краткий конспект теоретической части.
2. Написать характеристику баз протеомических данных, сравнить их.

Лабораторное занятие 3-4. Принципы и методы анализа протеома

Контрольные вопросы:

1. Основные подходы для анализа протеома.
2. Масс-спектрометрия белков
3. Двумерный электрофорез с MALDI масс-спектрометрией
4. Иммуноблоттинг (вестерн-блоттинг)
5. Виды хроматографий, применяемых для разделения белков
6. Аффинная хроматография
7. Инфракрасная спектроскопия
8. Рентгеновская кристаллография и ядерно-магнитный резонанс

Цель: расширить и углубить общетеоретическую подготовку.

Задачи:

- научиться применять теоретические знания на практике,
- обрести навыки в области протеомных исследований.

Методы протеомных исследований

- 1) Характеристика протеома путем ORF-анализа
- 2) Выявление ORF путем поиска старт-кодона и стоп-кодона
- 3) Для эукариот предсказание происхождения путем поиска экзонов
- 4) Анализ ORF проводят путем поиска гомологии к известным генам по базам данных
- 5) Последовательности отдельных кластеров или доменов, их локализация и ориентация, тоже являются важной информацией для идентификации.
- 6) Нокауты и Нокдауны. Нокдаун - методика понижения экспрессии гена Нокаут – инактивация гена, разрушают ген и анализируют фенотип Нокауты и нокдауны редко дают однозначную информацию о функции гена, поскольку продукты экспрессии находятся в цепи сложных взаимодействий. При нокаутах фенотип либо не меняется, либо дает множественные изменения. Нокаут гена в разных линиях животных может приводить к разным эффектам. Это значит, что выводы о функции генов нельзя однозначно переносить на другие организмы. Чем сложнее организм, тем неоднозначней нокаут.

7) Двумерный электрофорез (2D-электрофорез) разделяет белки по 2-м характеристикам белковой молекулы: 1 - молекулярной массе (Mr) 2 - изоэлектрической точке (pI). Сначала белки разделяют в первом направлении по заряду согласно их изоэлектрической точке (pI) путем изоэлектрического фокусирования (ИЭФ), а затем во втором направлении – по молекулярной массе (Mr) с помощью электрофореза в ПААГ. 2D-электрофорез позволяет одновременно разделять и выявлять тысячи белков в одном образце (обычный электрофорез меньше 100). Двумерный электрофорез позволяет: разделять белковые смеси на составляющие белковые компоненты, сравнивать белковые профили в образцах, изучать реакцию клеток на физиологический или патологический фактор (добавка к культуре лекарственного средства), все обнаруженные изменения могут быть оценены на качественном и количественном уровне

8) Масс-спектрометрия - метод, позволяющий установить количественный и качественный состав белков в исследуемом образце (очищенный белок или клеточный лизат). В основе метода - законы движения заряженных частиц в магнитном или электрическом поле. Измеряют отношение массы заряженных частиц (ионов) к их заряду -- m/z . Масс-спектр - это рассортировка заряженных частиц по их массам, а точнее по отношениям массы к заряду. Для проведения анализа пятно вырезают из 2D-ПААГ-ЭФ-геля и элюируют. Полученный белок гидролизуют на фрагменты путем расщепления трипсином. Смесь образовавшихся фрагментов подвергают масс-спектрометрии. Получают спектральные данные для каждого фрагмента смеси по соотношению - m/z . Поиск в базах данных измеренных масс пептидов. Сборка последовательности белка.

9) Вестерн-блоттинг (вестерн-блот, белковый иммуноблот, Western blot) — метод для определения специфичных белков в образце. На первом этапе используют электрофорез белков в полиакриламидном геле для разделения денатурированных полипептидов по массе. Белки переносят на нитроцеллюлозную мембрану. Затем проводят детекцию с использованием антител и меченого конъюгата.

Ход работы:

1. Составить краткий конспект теоритической части.
2. Транслировать нуклеотидную последовательность в аминокислотную с помощью сервера: <http://web.expasy.org/translate/>.
3. Письменно дать ответы на вопросы:
 1. Сущность масс-спектрального метода.
 2. Область применения масс-спектроскопии.
 3. Какие бывают масс-спектрометры?
 4. Зачем нужна масс-спектрометрия?
 5. Как влияют состав и физико-химические свойства раствора на результаты пламенно-фотометрического определения элементов?
 6. Какие источники ионов в масс-спектрометрии?
 7. Какие детекторы применяют в масс-спектрометрии?
 8. Где применяется масс-спектрометрия?
 9. Как с помощью масс-спектрометрии проводят качественное определение?
 10. Как с помощью масс-спектрометрии проводят количественное определение?

Лабораторное занятие 5-6. Базы данных по протеомике

Контрольные вопросы:

- 1.Биоинформатика
- 2.Развитие биоинформационных технологий обработки данных протеомных элементов.
- 3.Идентификация белков по молекулярной массе их фрагментов методом масс-спектрометрии

Цель: укрепить знания, полученные на лекциях; улучшить навыки анализа информации и использования теоретических сведений на практике.

Задачи: углубить понимание темы, дополнить знания путём выполнения практических заданий.

Ход работы:

1. Составить краткий конспект теоритической части.
2. Описать основные секвенаторы второго поколения и принцип их работы.
3. Дать характеристику базам данных нуклеотидных (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene и аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database.

Лабораторное занятие 7-8. Методы предсказания пространственных структур белков

Контрольные вопросы:

1. Предсказание пространственной структуры белков с помощью компьютерных программ (in silico)
2. Прогнозирование межмолекулярных взаимодействий: молекулярная стыковка и предсказание белок-белковых взаимодействий.
3. Фолдинг и межмолекулярные взаимодействия белков
4. Моделирование с использованием молекулярной механики
5. Основные группы методов предсказания функций белков

Цель: углубить знания, полученные на лекции.

Задачи: научиться применять теоритические знания на практике, ознакомиться с основными понятиями, используемыми для предсказания потенциальных сайтов посттрансляционных модификаций белков и белок-белковых взаимодействий.

Ход работы:

1. Составить краткий конспект теоритической части.
2. Сделать обзор программ, интернет-ресурсов и баз данных для предсказания потенциальных сайтов посттрансляционных модификаций белков и белок-белковых взаимодействий.

Лабораторное занятие 9. Практическая протеомика

Контрольные вопросы:

1. Фармакология и медицина – объекты протеомики
2. Программа "Протеом человека"
3. Сравнение протеомов различных клеток в норме и при патологиях
4. Медицинское приложение протеомики
5. Поиск белковых маркеров для диагностики и терапии социальнозначимых заболеваний.

Цель: углубить знания, полученные на лекции.

Задачи: научиться применять теоритические знания на практике, ознакомиться с основными понятиями, используемые при геномических и протеомических исследованиях в медицине.

Ход работы:

1. Составить краткий конспект теоритической части.
2. Оформить сравнительную таблицу инфекционных заболеваний с указанием возбудителей и методами лечения.
3. Оформить сравнительную таблицу типов генетических заболеваний с методами их лечения/профилактики с помощью технологий геномики и протеомики.

ВОПРОСЫ ДЛЯ ЭКЗАМЕНА

по дисциплине «Протеомика»

1. Предмет и задачи интегральной протеомики растений.
2. Основные принципы протеомики как научной дисциплины и технологической платформы.
3. Взаимосвязь протеомики с геномикой и метаболомикой.
4. Технологическая революция в фундаментальной и прикладной биологии.
5. Роль белков в реализации наследственной информации.
6. Многообразие белков растений, взаимосвязь структуры и функции.
7. Ядерная оболочка, нуклеоплазма, их функции в функционировании организма.
8. Характеристика степени конденсации ДНИ (хроматина) при различных функциональных состояниях генома клетки.
9. Сравнительный анализ степени конденсации ДНИ (хроматина) при активации и репрессии генома клетки.
10. Характеристика и функции групп генов, кодирующих основные группы белков митохондрий
11. Роль пост-трансляционных модификаций гистонов
12. Многообразие состава и функций органических кислот в клетке.
13. Варианты нуклеосомных гистонов, влияющих на последовательность считывания информации с ДНК ядра.
14. Роль ДНК-связывающих белков в генетической активности ядра, функции
15. Классификация и структура белков, связывающихся с ДНК.
16. Современные методы протеомных исследований
17. Генетическая трансформация. Методы. Влияние встраивания чужеродных генов на протеомный состав ядра растительного организма.
18. Применение современных методов протеомного анализа как инструмента для получения новых знаний в биотехнологии.
19. Использование баз данных для анализа протеома клетки
20. Структурная и функциональная протеомика
21. Роль белков в реализации наследственной информации.
22. Структурная организация клеточных ядер, свойства, протеомный состав.
23. Методы получения препаратов интерфазных клеточных ядер и изучения их протеомного состава.
24. Ядерная оболочка, нуклеоплазма.
25. Поровые комплексы, транспорт белков через ядерные поры.
26. Хроматин, ядерный матрикс, ядрышко, их протеомный состав.
27. Уровни компактизации ДНК в составе клеточного ядра клетки:
28. Роль гистонов, HMG-белков, негистоновых белков в обеспечении уровней компактизации ДНК.
29. Характеристика степени конденсации ДНП (хроматина).
30. Структура ДНК пластид, размеры и нуклеотидный состав.
31. Содержание и функции ДНК в хлоропластах и других типах пластид.
32. Взаимодействие пластид с другими органеллами клетки.
33. Ассоциация пластидной ДНК с белками.
34. Характеристика структуры нуклеоидов хлоропластов и их состава.
35. Основные группы генов, кодирующие белки пластид.
36. Гены, кодирующие основные группы белков митохондрий (рибосомальные белки, субъединицы комплекса дыхательной цепи).
37. Взаимодействие митохондрий с другими органеллами клетки.
38. Эпигенетическая регуляция активности генома.
39. Типы и роль ковалентных пост-трансляционных модификаций гистонов в активации/репрессии транскрипции
40. Принцип работы «гистонового кода».

41. Варианты нуклеосомных гистонов, влияющих на последовательность считывания информации с ДНК ядра.
42. Механизмы преобразования хроматина. Белковые модули.
43. Структура и роль гистонов, негистоновых и НМГ - белков в функционировании генетического аппарата клетки.
44. Критерии формирования комплекса ДНК-белок.
45. Классификация белков, связывающихся с ДНК.
46. Методы анализа протеома - современные биотехнологические платформы.
47. Методы изучения органоидов клетки.
48. Протеомика в биотехнологии.
49. Значение ботанических коллекций.
50. Создание компьютерных баз данных по биохимическому тестированию биоразнообразия живых организмов.

Рекомендуемая литература.

Перечень основной литературы:

1. Вирусология и биотехнология [Электронный ресурс]: учебник / Р.В. Белоусова [и др.].- СПб: Лань, 2018.- 220 с.- ISBN 978-5-8114-2266-1. – Текст: электронный // Электроннобиблиотечная система «Лань»: [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/103898> (дата обращения: 15.05.2023). - Режим доступа: для авториз. пользователей
2. Наноструктуры в биомедицине: пер. с англ. [Электронный ресурс] / Ред. К. Гонсалвес, К. Хальберштадт, К. Лоренсин, Л. Наир.- М.: Лаб. знаний, 2015. - 538 с.– Текст: электронный // Электронно-библиотечная система «Лань»: [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/70740>. (дата обращения: 26.05.2023). - Режим доступа: для авториз. пользователей
3. Спирин, А.С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка [Электронный ресурс] : учеб. пособие / А.С. Спирин.- М.: Лаб. знаний, 2019.- 594 с.- Текст: электронный // Электроннобиблиотечная система «Лань»: [сайт]. - URL: <https://e.lanbook.com/book/110208> (дата обращения: 26.05.2023). - Режим доступа: для авториз. Пользователей

Перечень дополнительной литературы:

1. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии : учебное пособие / под редакцией К. Уилсон, Дж. Уолкер; перевод с английского Т. П. Мосоловой, Е. Ю. Бозелек Решетняк. — 3-е изд. — Москва: Лаборатория знаний, 2020. — 855 с. — ISBN 978-5-00101-786- 8. — Текст: электронный // Лань: электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/151579> (дата обращения: 16.05.2023). — Режим доступа: для авториз. пользователей.

Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения дисциплины

1. <https://www.minobrnauki.gov.ru/> (Официальный сайт Министерства науки и высшего образования Российской Федерации);
2. <https://www.rosminzdrav.ru/> (Официальный сайт Министерства здравоохранения Российской Федерации);
3. <http://www.obrnadzor.gov.ru/ru/> (Официальный сайт Федеральной службы по надзору в сфере образования и науки);
4. <http://www.nica.ru/> (Официальный сайт Национального аккредитационного агентства в сфере образования).