

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФГАОУ ВО «СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»**

УТВЕРЖДАЮ:

Ректор

_____ Е.А. Ваганов

« _____ » _____ 2017 г.

**ПРОГРАММА
ПОВЫШЕНИЯ КВАЛИФИКАЦИИ**

«Современные проблемы протеомики»

Красноярск 2017

I. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОГРАММЫ

1.1. Аннотация программы

Программа повышения квалификации ориентирована на формирование знаний о структуре и функциях белков, о современных достижениях и областях применения протеомики. Слушатели познакомятся с современными методами исследования белков, овладеют навыками изучения полипептидных последовательностей. В результате у слушателей сложится целостное представление об универсальных принципах построения и функционирования протеомов живых организмов.

1.2. Цель программы

Формирование у слушателей целостного понимания процессов формирования и эволюции протеомов живых организмов.

1.3. Компетенции (трудовые функции) в соответствии с Профессиональным стандартом

V/03.6 - Разработка программно-методического обеспечения учебно-производственного процесса.

I/01.7 - Преподавание учебных курсов, дисциплин (модулей) по программам бакалавриата, специалитета, магистратуры и(или) ДПП.

1.4. Планируемые результаты обучения: слушатель в результате освоения программы повышения квалификации сможет достичь следующих результатов:

1. Знать новейшие достижения в области современной протеомики, основные сферы применения знаний о структуре и функциях белков, принципы, положенные в основу методов анализа протеомов различных живых организмов;
2. Связывать данные протеомики с достижениями генетики и медицины; практически использовать полученные знания для решения прикладных задач и проблем молекулярной генетики и медицины;
3. Владеть базовыми концепциями и основами понятийно-терминологического аппарата протеомики, методами анализа последовательности и структур белков;

1.5. Категория слушателей: научно-педагогические работники университета

1.6. Требования к уровню подготовки поступающего на обучение

научно-педагогические работники, владеющие базовыми знаниями молекулярной биологии.

1.7. Продолжительность обучения: 18 ч.

1.8. Форма обучения: очная, с частичным отрывом от работы.

1.9. Требования к материально-техническому обеспечению

Компьютерный класс с проектором или интерактивной доской. Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше).

Документ об образовании: удостоверение о повышении квалификации установленного образца.

II. ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ

2.1 Учебно-тематический план

| № п/п | Наименование разделов, дисциплин и тем | Всего часов | В том числе: | | Использование средств ЭО и ДОТ | Результаты обучения |
|-------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------|--------------|---------------|-------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------|
| | | | Аудиторные | Дистанционные | | |
| 1. | Введение в протеомику Протеомика как наука, ее место среди других наук. Белки, их функции и взаимодействие в живых организмах. Практическое значение протеомики. Использование в систематике, фармакологии и медицине. | 2 | 2 | | | Ориентироваться в современных достижениях и областях применения протеомики. |
| 2 | Стратегии разделения и идентификации белков. Выделение, очистка, определение первичной, вторичной и третичной структур белков живого организма. Функциональные свойства протеома. Динамичность протеома и пути ее формирования. Продолжительность жизни белков в клетках. | 2 | 2 | | | Знать основные стратегии выделения, очистки и идентификации белков |
| 3 | Стратегии количественного определения белков. Химические и физические методы. Масс-спектрометрический анализ в протеомике. | 2 | 2 | | | Применять методы количественного определения белков |
| 4 | Анализ последовательности и структур белков. Методы сравнения полипептидных последовательностей. | 4 | 4 | | Работа с электронными базами данных | Применять метод сравнительного анализа полипептидных последовательностей |
| 5 | Интерактомика – протеомика взаимодействий. Сети молекулярных и генетических взаимодействий. Экспериментальные | 2 | 2 | | | Применять экспериментальные, математические и информатические методы изучения интерактомов |

| | | | | | | |
|---|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|----|--|--|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| | методы создания интерактомов. Математические и информатические методы изучения интерактомов. Базы интерактомных данных. Открытые проблемы интерактомики. | | | | | |
| 6 | Модификации белков в протеомике | 2 | 2 | | | Применять знания о модификации белков в протеомике |
| 7 | Protein microarrays | 2 | 2 | | | Знать современные методы генерации и применения белковых микрочипов. |
| | Итоговый контроль: (круглый стол «Современные проблемы протеомики») | 2 | 2 | | | Ориентироваться в современных проблемах протеомики, методах исследования белков, уметь донести полученные знания до студенческой аудитории |
| | ИТОГО | 18 | 18 | | | |

2.2. План учебной деятельности

| Результаты обучения | Учебные действия / формы текущего контроля | Используемые ресурсы / инструменты / технологии |
|-----------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Ориентироваться в современных достижениях и областях применения протеомики. | Лекционные занятия. Участие в обсуждении современных достижений в области протеомики ее практического применения в систематике, фармакологии, медицине. | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint |
| Знать основные стратегии выделения, очистки и идентификации белков | Лекционные занятия. Участие в обсуждении основных стратегий выделения, очистки и идентификации белков. | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint |
| Применять методы количественного определения белков | Лекционные занятия. Участие в обсуждении основных методов количественного определения | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe |

| | | |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| | белков. Знакомство с современной аппаратурой. | Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint |
| Применять метод сравнительного анализа полипептидных последовательностей | Лекционные и семинарские занятия. Овладение навыками работы с генетическими базами данных. Овладение методами сравнительного изучения полипептидных цепей | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Компьютерный класс с доступом в Интернет. Презентации в PowerPoint |
| Применять экспериментальные, математические и информатические методы изучения интерактонов | Лекционное занятие. Участие в обсуждении современных методов изучения интерактонов. | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint |
| Применять знания о модификации белков в протеомике | Лекционное занятие. Участие в обсуждении проблем модификации белков в протеомике. | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint |
| Знать современные методы генерации и применения белковых микрочипов. | Лекционное занятие. Участие в обсуждении современных методов генерации и применения белковых микрочипов. Знакомство методами Protein microarrays | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint |
| Ориентироваться в современных проблемах протеомики, методах исследования белков, уметь донести полученные знания до студенческой аудитории | Творческая дискуссия по проблемам изучения протеомов живых организмов. Обсуждение основных проблем протеомики, методов изучения белков, методов преподавания «Протеомики» | Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox |

2.3. Виды и содержание самостоятельной работы

Самостоятельное изучение теоретического материала предполагает работу с учебной литературой, научными монографиями, оригинальными научными статьями, диссертациями, базами данных. Итогом работы является творческая дискуссия по проблемам изучения протеома живых организмов.

III. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЕ МАТЕРИАЛЫ

3.1. Учебно-методическое обеспечение, в т.ч. электронные ресурсы в корпоративной сети СФУ и сети интернет

Попов, В.В. Геномика с молекулярно-генетическими основами. / В.В. Попов.- М.: «ЛИБРОКОМ», 2012. - 304 с.

Смирнов А.В. Мир белковых молекул / А.В.Смирнов. - М.: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2011. – 128 с.

Спирин, А.С. Молекулярная биология. Рибосомы и биосинтез белка / А.С. Спирин. – М.: Академия, 2013. –496 с.

Структура и функционирование белков. Применение методов биоинформатики / под ред. Д.Д. Ригдена. – Едиториал УРСС – Ленанд, 2014. – 424 с.

Ниже приведено краткое описание основных БД *NCBI*, которые могут быть полезны при освоении тем дисциплины.

БД *Protein* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=protein>) является коллекцией аминокислотных последовательностей из нескольких источников, в том числе из *GenBank*, *RefSeq* и *TPA*, а также *SwissProt*, *PIR*, *PRF* и *PDB*.

БД *Structure* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/Structure/index.shtml>) организуют доступ к результатам молекулярного моделирования макромолекул и связанным с ними БД: трехмерных биомолекулярных структур полученных с помощью рентгеновской кристаллографии и ЯМР-спектроскопии; БД химических структур небольших органических молекул; к информации об их биологической активности и т. д.

БД *Gene* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/Entrez?db=gene>) представляет собой инструмент для просмотра данных из широкого спектра геномов. Каждая запись – это один из генов определенного организма. Минимальный набор данных в гене запись включает уникальный идентификатор, т. н. *Gene-ID*.

БД *dbMHC* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gv/mhc/main.cgi?cmd=init>) предоставляет открытую платформу, где научное сообщество может размещать, просматривать и редактировать данные *MajorHistocompatibilityComplex* (МНС) для человека. БД *dbMHC* полностью интегрирована с другими ресурсами *NCBI*, а также с Международной рабочей группой гистосовместимости (ИВГ).

БД *ReferenceSequence (RefSeq)* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/RefSeq/>), содержащая последовательности, в том числе геномных ДНК, белков и т. д., является основой для проведения функциональных исследований, геной идентификации, сравнительного анализа и т. п. В частности, релиз от 11.07.2012 включал в себя описания 16 393 342 белков и 17 605 организмов.

БД *Genomic Biology* представляет собой объединение нескольких ресурсов и инструментов геномной биологии, в том числе геномных карт для *Fruitfly*, *Human*, *Malariaparasite*, *Mouse*, *Rat*, *Retroviruses*, *Zebrafish* и т. д., которые дополнительно содержат ссылки на интернет-ресурсы и БД, касающиеся рассматриваемых видов.

В БД *UniGene* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/unigene/>) полноразмерные mRNA последовательности организованы в уникальные кластеры, представляющие известные или предполагаемые гены. Для кластеров доступна информация по картированию, экспрессии и другие ресурсы.

Basic Local Alignment Search Tool (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/BLAST/>) - основной метод поиска гомологичных последовательностей на основе локального выравнивания.

Public repository Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) - публичная электронная библиотека данных экспрессии генов «Омнибус Экспрессии Генов»

GenBank (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/genbank/index.html>) – БД, содержащая доступные последовательности нуклеотидов для более чем 260 000 организмов, вся информация в генетическом банке данных сопровождается библиографическими ссылками и биологическими аннотациями. *GenBank* автоматически интегрирует информацию о геноме и БД белковых последовательностей для изучения, учитывая таксономию, геном, белковую структуру и другую информацию.

Для представления последовательностей в *GenBank* предложено два инструмента:

- *BankIt* – интернет-представление одной или нескольких последовательностей;
- *Sequin* – интернет-представление для длинных последовательностей, полных геномов, результатов популяционных и филогенетических исследований.

Объединяющим фактором и при этом крайне удобным инструментом поиска в *NCBI* является поисковая система *Search NCBI databases* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Она обеспечивает *одновременный доступ* как к нуклеотидным и белковым последовательностям (*GenBank, EMBL, DDBJ, PIR-International, PRF, Swiss-Prot и PDB, GenPept, RPF*), 3-мерным структурам и популяционным данным, так и к библиографическим БД (*PubMed, PubMed Central* и т. д.). Доступ к поисковой системе *Search NCBI databases* может быть легко получен с помощью прямого интернет-адреса (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/gquery/>) либо посредством использования стартовой страницы *NCBI* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/>). На этой странице приведен полный перечень инструментария и БД *NCBI* и существует возможность получить доступ к любой из перечисленных БД.

Крайне полезным инструментом, который сохраняет информацию о пользователе, используется для более точной настройки поисковых запросов в *NCBI* (<http://www.NCBI.nlm.nih.gov/index.html>) и т. д., является сервис «*My NCBI*» (http://www.NCBI.nlm.nih.gov/sites/My_NCBI/). Этот инструмент позволяет сохранять результаты поиска, выбирать форматы отображения, фильтрации, настраивать автоматический поиск и отправлять его результаты по электронной почте. Пользователи «*My NCBI*» могут сохранять свои БД, построенные на основе поисковых запросов в *NCBI*, и управлять политикой общественного доступа.

Multiple sequence alignment (BioEdit) - выравнивание множественных нуклеотидных или аминокислотных последовательностей [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>.

American Physical Society [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://publish.aps.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/american-physical-society>.

Annual Reviews Science Collection [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.annualreviews.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/annual-reviews-science-collection>.

arXiv [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://arxiv.org>.

Cambridge University Press [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.journals.cambridge.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/cambridge-university-press>.

DOAJ [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.doaj.org> DRF (JAIRO): <http://drf.lib.hokudai.ac.jp>.

DRF (JAIRO) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://drf.lib.hokudai.ac.jp>.

EBSCO Publishing [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://search.ebscohost.com>.

Elsevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://sciencedirect.com>.

Elsevier [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.sciencedirect.com>.

EMS Journal. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.memsjournal.com>.

Euromonitor International [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.portal.euromonitor.com>.

Institute of Physics [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.iop.org><http://bik.sfu-kras.ru/nb/institute-physics-iop>.

Journal Citation Reports (JCR) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://isiknowledge.com>.

MEMS Journal [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.memsjournal.com>.

Nature [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.nature.com>.

Oxford Journals [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.oxfordjournals.org>.

Oxford Russia Fund eContent library [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://lib.myilibrary.com><http://bik.sfu-kras.ru/nb/oxford-russia-fund-econtent-library>.

ProQuest [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://search.proquest.com>.

Royal Society of Chemistry (журналы открытого доступа). [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.rsc.org>.

Science и Science Translational Medicine [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.sciencemag.org> <http://bik.sfu-kras.ru/nb/science-i-science-translational-medicine>.

Science/AAAS [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.sciencemag.org> <http://bik.sfu-kras.ru/nb/scienceaaaas>.

Scirus [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.scirus.com> [Информационно-поисковые системы].

Scopus [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.scopus.com><http://bik.sfu-kras.ru/nb/scopus>.

Sevier (журналы открытого доступа) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://sciencedirect.com>.

Springer [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.springerlink.com>.

Taylor&Francis [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.tandfonline.com>.

Web of Science [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://isiknowledge.com>.

Wiley (Blackwell) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.blackwell-synergy.com>.

Центр Исследования Генома (Genomics Resource Centre) [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.rockefeller.edu/genomics>

3.2. Информационное обеспечение (информационные обучающие системы, системы вебинаров, сетевые ресурсы хостинга видео, изображений, файлов, презентаций, программное обеспечение и др.).

Компьютерный класс, наличие проектора для демонстрации наглядных пособий и экрана. Ноутбук с доступом к сети Интернет, с установленным ПО: Microsoft Office, Adobe Flash Player, Adobe Reader, браузер Mozilla Firefox (Internet Explorer 9 и выше). Презентации в PowerPoint.

IV. ОЦЕНКА КАЧЕСТВА ОСВОЕНИЯ ПРОГРАММЫ

4.1. Формы аттестации, оценочные материалы, методические материалы.

Обучение по программе повышения квалификации предполагает прослушивание курса лекций ведущего ученого с мировым именем в области протеомики, профессора Университета Лозанны (Швейцария) Катанаева В.Л. В ходе курса слушатели также должны овладеть навыками работы с генетическими базами данных. Итоговой аттестационной работой является дискуссия по основным проблемам изучения протеома живых организмов.

4.2. Требования и содержание итоговой аттестации.

Итоговая аттестация подразумевает проведение творческой дискуссии по основным проблемам протеомики. Основанием для аттестации является активное участие в обсуждении следующих проблем современной протеомики:

– Современных методов изучения структуры и функций белков.

- Современных проблем науки о взаимодействиях – интерактомики.
- Проблем работы с генетическими базами данных.
- Вопросов, связанных с разработкой и структурой курса «Протеомика» для бакалавров и магистров ИФБиТ.

Программу составили:

Ямских И.Е. – зав. базовой кафедрой защиты и современных технологий мониторинга лесов ИФБиТ, доктор биологических наук.

Катанаев В.Л. – профессор университета Лозанны (Швейцария), доктор биологических наук;

Руководитель программы:

Катанаев В.Л. – профессор университета Лозанны (Швейцария), доктор биологических наук.