

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Ястребов Олег Александрович
Должность: Ректор
Дата подписания: 14.05.2026 12:41:59
Уникальный программный ключ:
ca953a01204891083f939673078ef1a989dae18a

**Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»
Аграрно-технологический институт**

(наименование основного учебного подразделения (ОУП)-разработчика ОП ВО)

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

ГЕНОМИКА И ТРАНСКРИПТОМИКА

(наименование дисциплины/модуля)

Рекомендована МССН для направления подготовки/специальности:

06.05.01 БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

(код и наименование направления подготовки/специальности)

Освоение дисциплины ведется в рамках реализации основной профессиональной образовательной программы высшего образования (ОП ВО):

БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

2026 г.

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Геномика и транскриптомика» входит в программу специалитета «Биоинженерия и биоинформатика» по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» и изучается в 5 семестре 3 курса. Дисциплину реализует Агробиотехнологический департамент. Дисциплина состоит из 7 разделов и 22 тем и направлена на изучение современной комплексной фундаментальной дисциплины об организации, структуре и функционировании геномов и транскриптомов.

Целью освоения дисциплины является получение базовых знаний об организации, структуре и функционировании геномов; путей формирования и эволюции транскриптомов, ознакомление с универсальными принципами построения и функционирования геномов и транскриптомов.

2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Геномика и транскриптомика» направлено на формирование у обучающихся следующих компетенций (части компетенций):

Таблица 2.1. Перечень компетенций, формируемых у обучающихся при освоении дисциплины (результаты освоения дисциплины)

Шифр	Компетенция	Индикаторы достижения компетенции (в рамках данной дисциплины)
ОПК-3	Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований;	ОПК-3.2 Владеет методиками исследования макромолекул и экспериментальной работы с макромолекулами;
ОПК-4	Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования;	ОПК-4.2 Умеет определять и описывать свойства биологических объектов, полученных экспериментальным путем, для их дальнейшего анализа;
ПК-2	Способен к научно-исследовательской деятельности и анализу современного состояния и перспектив использования различных методов молекулярно-генетического анализа полиморфизма генов в прикладных целях	ПК-2.3 Способен выбирать среди методов молекулярно-генетического анализа наиболее перспективные и использовать их для решения прикладных задач;

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Геномика и транскриптомика» относится к обязательной части блока 1 «Дисциплины (модули)» образовательной программы высшего образования.

В рамках образовательной программы высшего образования обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Геномика и транскриптомика».

Таблица 3.1. Перечень компонентов ОП ВО, способствующих достижению запланированных результатов освоения дисциплины

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
ОПК-3	Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований;	Молекулярная биология; Биохимия; Биофизика; Программирование;	Ознакомительная практика по геной инженерии; Физико-химические методы в биологии; Протеомика и метаболомика; Программирование; Биоинформатика и системная биология;
ОПК-4	Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования;	Молекулярная биология;	Сельскохозяйственная биотехнология; Иммунитет растений; Протеомика и метаболомика; Алгоритмы в биоинформатике;
ПК-2	Способен к научно-исследовательской деятельности и анализу современного состояния и перспектив использования различных методов молекулярно-генетического анализа полиморфизма генов в прикладных целях	Генетика; Молекулярная биология;	Метагеномика; Методы редактирования генома; Генная инженерия с основами проектной деятельности; Практикум по геной инженерии; Практическая биоинформатика;

* - заполняется в соответствии с матрицей компетенций и СУП ОП ВО

** - элективные дисциплины /практики

4. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ

Общая трудоемкость дисциплины «Геномика и транскриптомика» составляет «5» зачетных единиц.

Таблица 4.1. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для очной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)
			5
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	85		85
Лекции (ЛК)	34		34
Лабораторные работы (ЛР)	51		51
Практические/семинарские занятия (СЗ)	0		0
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	68		68
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	27		27
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	180	180
	зач.ед.	5	5

5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 5.1. Содержание дисциплины (модуля) по видам учебной работы

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
Раздел 1	Введение в технологии геномики	1.1	Краткая история геномики	В разделе рассматривается краткая история геномики: зарождение дисциплины с секвенирования первых генов и геномов вирусов, проект «Геном человека» как ключевое событие, переход от капиллярного секвенирования к технологиям нового поколения, а также современные этапы — пангеномика, метагеномика и одноклеточная геномика.	ЛК, ЛР
		1.2	Обзор технологий секвенирования	В разделе рассматривается обзор технологий секвенирования: методы первого поколения по Сэнгеру, технологии второго поколения с массовым параллельным секвенированием и технологии третьего поколения с секвенированием одной молекулы в реальном времени, а также их сравнительная характеристика по длине прочтений, пропускной способности и стоимости.	ЛК, ЛР
		1.3	Применение геномики в научных исследованиях	В разделе рассматривается применение геномики в научных исследованиях: сравнительная геномика для изучения эволюции, функциональная геномика для аннотации генов и регуляторных элементов, метагеномика для анализа микробных сообществ, а также использование геномных данных в медицине, селекции и палеогенетике.	ЛК, ЛР
Раздел 2	Секвенирование и сборка генома	2.1	Подготовка образцов и методология для секвенирования генома	В разделе рассматриваются подготовка образцов и методология для секвенирования генома: выделение и контроль качества ДНК, фрагментация геномной ДНК, конструирование библиотек с лигированием адаптеров, выбор подходящей платформы секвенирования и протоколов, а также оценка качества сырых данных перед биоинформатическим анализом.	ЛК, ЛР
		2.2	Подходы к сборке генома	В разделе рассматриваются подходы к сборке генома: сборка на основе перекрытия фрагментов с построением контигов, использование парных прочтений для построения каркасов, гибридная сборка с привлечением длинных прочтений третьего поколения для преодоления повторяющихся областей, а также оценка качества собранного генома.	ЛК, ЛР
		2.3	Оценка качества сборки генома	В разделе рассматриваются методы оценки качества сборки генома: показатели длины контигов и каркасов, полный размер	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				сборки относительно ожидаемого размера генома, оценка полноты с использованием консервативных генов, а также выявление химерных структур, ошибок сборки и фрагментации.	
Раздел 3	Аннотирование генома и сравнительная геномика	3.1	Структурная аннотация геномов	В разделе рассматривается структурная аннотация геномов: идентификация генов с использованием программ предсказания на основе скрытых марковских моделей и сравнительной геномики, определение границ экзонов и интронов, идентификация промоторных и терминаторных областей, а также обнаружение генов некодирующих РНК и повторяющихся элементов.	ЛК, ЛР
		3.2	Функциональная аннотация и предсказание генов	В разделе рассматривается функциональная аннотация и предсказание генов: присвоение предсказанным генам функциональных категорий с использованием гомологии и баз данных Gene Ontology, KEGG и InterPro, а также методы предсказания генов — ab initio подходы, гомологическое моделирование и интегративные конвейеры.	ЛК, ЛР
		3.3	Выявление ортологий и сравнительная геномика	В разделе рассматривается выявление ортологий и сравнительная геномика: методы поиска ортологичных и паралогичных генов, построение кластеров ортологических групп, использование геномных сравнений для изучения эволюционных отношений, выявления консервативных не кодирующих элементов и анализа геномных перестроек между видами.	ЛК, ЛР
		3.4	Эволюция и филогенетические связи	В разделе рассматривается эволюция и филогенетические связи на основе геномных данных: методы построения филогенетических деревьев по геномным последовательностям, анализ молекулярной эволюции генов и геномов, оценка времени дивергенции, а также выявление горизонтального переноса генов и совместной эволюции организмов.	ЛК, ЛР
Раздел 4	Анализ вариаций и функциональная геномика	4.1	Обнаружение генетических вариаций	В разделе рассматривается обнаружение генетических вариаций: идентификация однонуклеотидных полиморфизмов, инделей и структурных вариаций из данных секвенирования, методы выравнивания на референсный геном и de novo сборки для выявления вариаций, а также аннотирование их функциональных последствий.	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
		4.2	Анализ сцепления и GWAS	В разделе рассматривается анализ сцепления и полногеномный поиск ассоциаций: методы картирования генетических локусов, ассоциированных с признаками и заболеваниями, принципы оценки сцепления в семейных выборках, статистические подходы GWAS для популяционных выборок, а также обработка множественных сравнений и валидация ассоциированных маркеров.	ЛК, ЛР
		4.3	Методы функциональной геномики	В разделе рассматриваются методы функциональной геномики: РНК-секвенирование для анализа транскриптома, ChIP-секвенирование для картирования участков связывания белков с ДНК, ATAC-секвенирование для оценки доступности хроматина, а также методы изучения метаболома и протеома как дополнение к функциональной аннотации генома.	ЛК, ЛР
		4.4	Связь генотипа с фенотипом	В разделе рассматривается связь генотипа с фенотипом: механизмы реализации генетической информации от последовательности ДНК до наблюдаемых признаков, влияние однонуклеотидных полиморфизмов и структурных вариаций на функции генов, модели генетической архитектуры признаков, а также использование геномных данных для предсказания фенотипа в медицине и селекции.	ЛК, ЛР
Раздел 5	Введение в транскриптомику	5.1	Основы экспрессии и регуляции генов	В разделе рассматриваются основы экспрессии и регуляции генов: механизмы транскрипционной регуляции с участием промоторов, энхансеров и транскрипционных факторов, посттранскрипционная регуляция с использованием микроРНК и альтернативного сплайсинга, а также методы анализа экспрессии и регуляторных сетей.	ЛК, ЛР
		5.2	Обзор методов транскриптомики	В разделе рассматривается обзор методов транскриптомики: гибридационные методы на микрочипах, РНК-секвенирование для полного анализа транскриптома, одноклеточное РНК-секвенирование для изучения гетерогенности клеток, а также методы анализа малых РНК и изоформ транскриптов.	ЛК, ЛР
		5.3	Экспериментальный дизайн для транскриптомики	В разделе рассматривается экспериментальный дизайн для транскриптомики: выбор схемы сравнения образцов, определение необходимого числа биологических и технических повторностей, рандомизация для исключения эффектов партии,	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				контроль качества образцов на этапе выделения РНК, а также влияние дизайна на статистическую мощность и интерпретацию результатов.	
Раздел 6	Секвенирование и анализ РНК	6.1	Подготовка образцов и методика для РНК-секвенирования	В разделе рассматриваются подготовка образцов и методика для РНК-секвенирования: выделение и контроль качества тотальной РНК, удаление рибосомной РНК или обогащение поли-А фракцией, обратная транскрипция и синтез кДНК, лигирование адаптеров и амплификация библиотек, а также выбор протокола для специфических задач.	ЛК, ЛР
		6.2	Количественная оценка и дифференциальная экспрессия	В разделе рассматриваются количественная оценка и дифференциальная экспрессия: методы подсчёта прочтений на уровне генов и транскриптов, нормализация экспрессионных данных, статистические модели для выявления дифференциально экспрессированных генов, а также постобработка результатов с коррекцией на множественное тестирование.	ЛК, ЛР
		6.3	Функциональный анализ транскриптомных данных	В разделе рассматривается функциональный анализ транскриптомных данных: обогащение по наборам генов с использованием GO-терминов и KEGG-путей, анализ белок-белковых взаимодействий и регуляторных сетей, кластеризация коэкспрессирующихся генов, а также интерпретация биологических процессов, связанных с наблюдаемыми изменениями экспрессии.	ЛК, ЛР
Раздел 7	Применение геномики и транскриптомики	7.1	Примеры в исследованиях растений	В разделе рассматриваются примеры применения геномики и транскриптомики в исследованиях растений: изучение механизмов стрессоустойчивости к засухе, засолению и патогенам, анализ экспрессии генов в процессе развития органов и созревания плодов, идентификация генетических локусов хозяйственно ценных признаков для маркер-ориентированной селекции, а также филогеномика культурных растений.	ЛК, ЛР
		7.2	Примеры в исследованиях животных	В разделе рассматриваются примеры применения геномики и транскриптомики в исследованиях животных: изучение генетической основы продуктивных признаков в животноводстве, анализ транскрипционных ответов на инфекционные заболевания и стресс, идентификация генов,	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				связанных с адаптацией к климатическим условиям, а также сравнительная геномика одомашненных видов и их диких предков.	

* - заполняется только по **ОЧНОЙ** форме обучения: *ЛК* – лекции; *ЛР* – лабораторные работы; *СЗ* – практические/семинарские занятия.

6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 6.1. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Тип аудитории	Оснащение аудитории	Специализированное учебное/лабораторное оборудование, ПО и материалы для освоения дисциплины (при необходимости)
Лекционная	Аудитория для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Лаборатория для проведения практических и лабораторных занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Термоциклер для амплификации нуклеиновых кислот T100 (T100 Thermal Cycler); ДНК-амплификатор «Терцик» с цифровым дисплеем; Трансиллюминатор ЕСХ-15С; Центрифуга Eppendorf 5418 с ротором F-45-18-11 в комплекте; Камеры Helicon для электрофореза; Источник питания ДНК Технологии; Весы Ohaus Scout Pro; Магнитная мешалка с подогревом MR 3001 (Heidolph); Холодильник Бирюса-6; Набор дозаторов – 15 шт. Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).
Лаборатория	Аудитория для проведения лабораторных работ, индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная комплектом специализированной мебели и	Лаборатория для проведения практических и лабораторных занятий, групповых и индивидуальных

	<p>оборудованием.</p>	<p>консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Термоциклер для амплификации нуклеиновых кислот T100 (T100 Thermal Cycler); ДНК-амплификатор «Терцик» с цифровым дисплеем; Трансиллюминатор ЕСХ-15С; Центрифуга Eppendorf 5418 с ротором F-45-18-11 в комплекте; Камеры Helicon для электрофореза; Источник питания ДНК Технологии; Весы Ohaus Scout Pro; Магнитная мешалка с подогревом MR 3001 (Heidolph); Холодильник Бирюса-6; Набор дозаторов – 15 шт. Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).</p>
<p>Для самостоятельной работы</p>	<p>Аудитория для самостоятельной работы обучающихся (может использоваться для проведения семинарских занятий и консультаций), оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютерами с доступом в ЭИОС.</p>	<p>Компьютерный класс для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства (16 рабочих мест): Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в</p>

		т.ч. MS Office/Office 365, Teams).
--	--	------------------------------------

* - аудитория для самостоятельной работы обучающихся указывается **ОБЯЗАТЕЛЬНО!**

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература:

1. Нельсон, Д. Основы биохимии Ленинджера : учебное пособие : в 3 томах / Д. Нельсон, М. Кокс ; перевод с английского под редакцией Н. Б. Гусева. — 5-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2022 — Том 1 : Основы биохимии, строение и катализ — 2022. — 746 с. — ISBN 978-5-93208-607-0. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/319169>

2. Нельсон, Д. Основы биохимии Ленинджера : учебное пособие : в 3 томах / Д. Нельсон, М. Кокс ; перевод с английского под редакцией Н. Б. Гусева. — 5-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2022 — Том 2 : Биоэнергетика и метаболизм — 2022. — 689 с. — ISBN 978-5-93208-608-7. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/319172>

3. Нельсон, Д. Основы биохимии Ленинджера : учебное пособие : в 3 томах / Д. Нельсон, М. Кокс ; перевод с английского под редакцией Н. Б. Гусева. — 5-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2022 — Том 3 : Пути передачи информации — 2022. — 441 с. — ISBN 978-5-93208-609-4. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/319175>

4. Кребс, Д. Г. Гены по Льюину : учебное пособие / Д. Г. Кребс, С. Килпатрик ; перевод с английского под редакцией Д. В. Ребрикова, Н. Ю. Усман ; художник В. Е. Шкерин. — 4-е изд. — Москва : Лаборатория знаний, 2021. — 922 с. — ISBN 978-5-93208-506-6. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/172253>

Дополнительная литература:

1. Клетки по Льюину : учебное пособие / под редакцией Л. Кассимерис [и др.]. — 5-е изд. (эл.). — Москва : Лаборатория знаний, 2022. — 1059 с. — ISBN 978-5-00101-961-9. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/249926>

2. Генетические основы селекции растений : монография : в 4 томах. — Минск : Белорусская наука, [б. г.]. — Том 4 : Биотехнология в селекции растений. Геномика и генетическая инженерия — 2014. — 653 с. — ISBN 978-985-08-1791-4. — Текст : электронный // Лань : электронно-библиотечная система. — URL: <https://e.lanbook.com/book/90618>

3. Молекулярно-генетические и биохимические методы в современной биологии растений / Под ред. Вл.В.Кузнецова и др. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2011, 2012. - 487 с. - (Методы в биологии).

Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

1. ЭБС РУДН и сторонние ЭБС, к которым студенты университета имеют доступ на основании заключенных договоров

- Электронно-библиотечная система РУДН – ЭБС РУДН

<https://mega.rudn.ru/MegaPro/Web>

- ЭБС «Университетская библиотека онлайн» <http://www.biblioclub.ru>

- ЭБС Юрайт <http://www.biblio-online.ru>

- ЭБС «Консультант студента» www.studentlibrary.ru

- ЭБС «Знаниум» <https://znanium.ru/>

2. Базы данных и поисковые системы

- Sage <https://journals.sagepub.com/>

- Springer Nature Link <https://link.springer.com/>
- Wiley Journal Database <https://onlinelibrary.wiley.com/>
- Научометрическая база данных Lens.org <https://www.lens.org>

Учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся при освоении дисциплины/модуля:*

1. Курс лекций по дисциплине «Геномика и транскриптомика».

* - все учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся размещаются в соответствии с действующим порядком на странице дисциплины **в ТУИС!**

РАЗРАБОТЧИК:

Старший преподаватель
Агробиотехнологического
департамента

Должность, БУП

Подпись

Кезимана Парфэ

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:

Директор
Агробиотехнологического
департамента, профессор

Должность БУП

Подпись

Пакина Елена Николаевна

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Директор
Агробиотехнологического
департамента, профессор

Должность, БУП

Подпись

Пакина Елена Николаевна

Фамилия И.О.