Приложение № 4
к образовательной программе высшего образования – программе магистратуры
по направлению подготовки 06.04.01 Биология
(направленность (профиль) «Генетика и генетические технологии»)

АВТОНОМНАЯ НЕКОММЕРЧЕСКАЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ «НАУЧНО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»
(АНОО ВО «УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»)

ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН
ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ
Сертификат: 7835bcdac1c89a3da835a18f6045494f3f404337
Владелец: Некрасова Людмила Андреевна
Действителен: с 08.07.2026 до 08.07.2027

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

«Современные методы анализа транскриптома в биологическом эксперименте»

1. Трудоемкость дисциплины (модуля): 4 з.е.

2. Место дисциплины (модуля) в учебном плане:

Обязательная часть «Профессиональной подготовки» в рамках Блока 1. Дисциплины (модули), реализуется в 3 семестре.

3. Цель дисциплины (модуля): ознакомить слушателей с различными практическими подходами к анализу транскриптома в биологическом эксперименте; показать, как могут быть интегрированы результаты анализа транскриптома в разные типы генетических исследований.

4. Задачи дисциплины (модуля):

– формирование системы знаний об актуальных подходах к анализу транскриптома в биологическом эксперименте;

– приобретение начальных практических навыков анализа транскриптома и визуализации результатов анализа;

– формирование знаний об уровнях регуляции экспрессии генов, формах существования микроРНК вне клетки, принципе работы qRT-PCR, применении qRT-PCR для измерения уровней внеклеточных микроРНК, статистических методах анализа данных qRT-PCR;

– использование полученных знаний для решения различных фундаментальных исследовательских задач в области биологии и медицины, визуализации полученных результатов.

5. Перечень разделов (тем) дисциплины (модуля) и их краткое содержание:

Наименование раздела (темы) дисциплины (модуля)	**Краткое содержание**
Раздел 1. Роль биоинформатики в современных исследованиях. Методология анализа данных секвенирования	Информация о различных биоинформатических методах, применяемых в науке для анализа генома, транскриптома, метаболома, эпигенома и т.п. Описание современных методов секвенирования нового поколения, применяемых для получения исходных данных для дальнейшего биоинформатического анализа.
Раздел 2. Анализ транскриптома с использованием веб-приложения phantasus	Методы анализа данных РНК-секвенирования: нормализация, визуализация, кластеризация, поиск дифференциально-экспрессированных генов, анализ сигнальных путей.
Раздел 3. Анализ транскриптома с использованием R	Основные команды на языке программирования R, нормализация данных транскриптома, находить дифференциально экспрессированные гены с помощью пакета DESeq2, анализ сигнальных путей и визуализация полученных результатов с помощью ggplot2.

Раздел 4. Выполнение модельных экспериментов, позволяющих исследовать in vitro различные аспекты роста, развития и метаболизма мышечной ткани.	Работа с клеточной культурой миобластов мыши C2C12. Метод подавления экспрессии выбранного гена интереса с использованием конструктов коротких РНК, образующих шпильки (shRNA). Анализ экспрессии маркеров дифференцировки с использованием метода ПЦР в реальном времени (выделение РНК, обратная транскрипция, ПЦР).
Раздел 5. МикроРНК, их биогенез	Особенности структуры, биогенеза и функций микроРНК, их роли в регуляции физиологических и патологических состояний, современные методы их детекции в биологическом материале, методы их изучения и методы работы с публичными базами данных.
Раздел 6. Количественный анализ внеклеточных микроРНК	Критерии выбора и обоснования экспериментальных подходов для исследования роли микроРНК в регуляции биологических процессов. Процедуры выделения микроРНК из биологического материала и количественный анализ содержания микроРНК в образце.
Раздел 7. Работа над индивидуальными проектами	Два исследования, которые включают использование клеточных моделей и анализ транскриптома и повторяют анализ наиболее интересной части с использованием веб-приложения phantasus (R), анализ сходства и различия экспериментальных подходов, описанных в выбранных исследованиях.

6. Образовательные результаты освоения дисциплины (модуля):

Код и наименование компетенции	**Код и наименование индикатора достижения компетенции**
ПК-4. Способен проводить экспериментальные исследования с использованием генетических и геномных технологий и высокотехнологичного лабораторного оборудования	ИПК-4.3. Организовывает научное исследование на основе современной методологии с использованием генетических и геномных технологий и высокотехнологичного лабораторного оборудования
	ИПК-4.4. Работает с высокотехнологичным лабораторным оборудованием общего назначения, а также специализированными приборами для молекулярно-генетических исследований (амплификаторы, приборы для электрофоретического разделения биомолекул

	и другие)
ПК-5. Способен использовать современные информационные технологии, в том числе специализированное программное обеспечение, для решения прикладных задач в научно-исследовательской (проектно-исследовательской) деятельности	ИПК-5.2. Умеет самостоятельно осуществлять обработку и анализ геномных данных с использованием современных информационных технологий, в том числе языков программирования R и Python
	ИПК-5.3. Использует современные информационные технологии, в том числе специализированное программное обеспечение, для проведения биоинформатического анализа больших объемов геномных данных