Приложение № 4
к образовательной программе высшего образования – программе магистратуры
по направлению подготовки 19.04.01 Биотехнология
(направленность (профиль) «Промышленная биотехнология»)

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)

«Транскриптомика»

1. Трудоемкость дисциплины (модуля): 2 з.е.

2. Место дисциплины (модуля) в учебном плане:

Часть, формируемая участниками образовательных отношений, «Профессиональной подготовки» – «Дисциплины (модули) специализации», Блок дисциплин (модулей) по выбору «Анализ метаболизма в биотехнологии», в рамках Блока 1. Дисциплины (модули), реализуется в 4 семестре.

3. Цель дисциплины (модуля): формирование системы знаний об актуальных подходах к анализу транскриптома в биологическом эксперименте, приобретение начальных практических навыков анализа транскриптомных данных и визуализации результатов, изучение уровней регуляции экспрессии генов, включая микроРНК, и освоение методов подавления экспрессии генов-мишеней *in vitro*.

4. Задачи дисциплины (модуля):

– сформировать представление о роли биоинформатики и методов NGS в анализе транскриптома, об уровнях регуляции экспрессии генов, биогенезе и функциях микроРНК;

– обеспечить владение практическими навыками работы с веб-приложением phantasus (нормализация, кластеризация, поиск дифференциально экспрессированных генов, анализ сигнальных путей) и языком R (пакеты DESeq2, ggplot2);

– научить планировать эксперименты по подавлению экспрессии генов с использованием shRNA, проводить qRT-PCR, подбирать праймеры и зонды, выделять микроРНК и интерпретировать результаты количественного анализа.

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	Биоинформатические методы анализа генома, транскриптома, метаболома, эпигенома. Роль NGS в получении данных для биоинформатического анализа.
Раздел 2. Анализ транскриптома с использованием веб-приложения phantasus	Нормализация, визуализация, кластеризация, поиск дифференциально экспрессированных генов, анализ сигнальных путей в phantasus. Выполнение индивидуального проекта.
Раздел 3. Анализ транскриптома с использованием R	Основы языка R, нормализация данных транскриптома, поиск дифференциально экспрессированных генов с помощью DESeq2, анализ сигнальных путей, визуализация с ggplot2.
Раздел 4. Модельные эксперименты на клеточных культурах (миобласты C2C12)	Работа с клеточной культурой миобластов мыши C2C12. Дизайн shRNA для подавления экспрессии гена интереса. Подбор праймеров для qRT-PCR. Выделение РНК, обратная транскрипция, ПЦР.

Наименование раздела (темы) дисциплины (модуля)	Краткое содержание
Раздел 5. МикроРНК: биогенез и функции	Структура, биогенез и функции микроРНК, их роль в регуляции физиологических и патологических состояний. Методы детекции микроРНК, работа с публичными базами данных.
Раздел 6. Количественный анализ внеклеточных микроРНК	Критерии выбора экспериментальных подходов. Выделение микроРНК из биоматериала, количественный анализ, оформление отчёта.
Раздел 7. Индивидуальный проект	Выбор двух исследований из NCBI по одной тематике, повторение анализа транскриптома в phantasus или R, сравнение подходов. Представление результатов в форме презентации/доклада.

6. Образовательные результаты освоения дисциплины (модуля):

Код и наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
ПК-2. Способен использовать специализированное программное обеспечение и базы данных, адаптировать современные программные продукты для решения прикладных задач, связанных с разработкой новых биотехнологий и новой биотехнологической продукции	ИПК-2.1. Знает принципы хранения, обработки, распространения и представления информации, современные программные пакеты и базы данных для научных исследований биотехнологической направленности
	ИПК-2.2. Умеет использовать и адаптировать современные информационные технологии при сборе, обработке, анализе и представлении информации в области биотехнологии и смежных наук
ПК-4. Способен планировать и проводить комплексные экспериментальные и расчетно-теоретические исследования, критически анализировать, обобщать и интерпретировать полученные экспериментальные данные для разработки новых биотехнологий и новой биотехнологической продукции	ИПК-4.1. Знает расчетно-теоретические методы исследований
	ИПК-4.2. Умеет планировать и проводить комплексные экспериментальные и расчетно-теоретические исследования с использованием высокотехнологичного лабораторного оборудования
	ИПК-4.3. Владеет методами анализа полученных экспериментальных данных