

**КИЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
ІМЕНІ ТАРАСА ШЕВЧЕНКА**

Хімічний факультет
Кафедра органічної хімії

«ЗАТВЕРДЖУЮ»



В. о. заступника декана
навчальної роботи

Наталія Усенко
Наталія УСЕНКО

« 30 » 06 2025 року

**РОБОЧА ПРОГРАМА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ
НУКЛЕЙНОВІ КИСЛОТИ. ГЕНОМІКА**

для здобувачів освіти

галузь знань
спеціальність
освітній рівень
освітня програма
вид дисципліни

Е Природничі науки, математика та статистика
Е3 Хімія
магістр
Хімія
вибіркова

Форма навчання	денна
Навчальний рік	2026/2027
Семестр	III
Кількість кредитів ECTS	3
Мова викладання, навчання та оцінювання	українська
Форма заключного контролю	залік

Викладач: **Пивоваренко Василь Георгійович**

Пролонговано: на 2027/2028 н. р. _____ (_____) «__» _____ 20__ р.

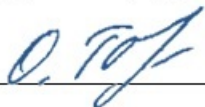
на 2028/2029 н. р. _____ (_____) «__» _____ 20__ р.

Розробник:

Пивоваренко Василь Георгійович, доктор хімічних наук, професор кафедри органічної хімії

ЗАТВЕРДЖЕНО

Завідувач кафедри органічної хімії

 Олександр ГРИГОРЕНКО

Протокол № 15 від 5 травня 2025 року

Схвалено науково-методичною комісією хімічного факультету

Протокол № 9 від 7 травня 2025 року

Голова науково-методичної комісії  Олександр ПОЇК

« 7 » травня 2025 року

1. Метою навчальної дисципліни «Нуклеїнові кислоти. Геноміка» є засвоєння студентами базових понять про нуклеозиди, нуклеотиди та нуклеїнові кислоти - важливий клас природних сполук, про їх знаходження у природних об'єктах, добування, хімічний та біосинтез, фізичні, хімічні та головні біологічні властивості, а також про практичне застосування, їх роль та місце серед інших природних сполук. Знання студентами сучасних методів визначення первинної структури нуклеїнових кислот, методів отримання та аналізу рекомбінантних ДНК, методів клонування ДНК, фізичної організації геномів (як генетичний матеріал організований в хромосоми. Розуміння студентами місця нуклеїнових кислот серед інших класів природних сполук. Розуміння ролі нуклеїнових кислот у природі, науці, технологіях.

2. Попередні вимоги до опанування навчальної дисципліни:

- 2.1. Знати основи загальної, неорганічної, органічної та фізичної хімії в межах освітньої програми «Бакалавр» за спеціальністю «Хімія».
- 2.2. Володіти комп'ютерними програмами, пов'язаними із обробкою та представленням результатів досліджень органічних сполук.
- 2.3. Володіти навичками пошуку необхідної інформації в науковій літературі, наукометричних базах та інтернет-просторі.

3. Анотація навчальної дисципліни

Навчальна дисципліна «Нуклеїнові кислоти. Геноміка» призначена для вивчення нуклеїнових кислот, їх структури та функцій. Нуклеїнові кислоти є одним з ключових складових організмів. Проводиться розгляд структури нуклеїнових кислот, їх знаходження у природних об'єктах, добування, хімічний та біосинтез, фізичні, хімічні та окремі біологічні властивості, а також застосування у практичних задачах суспільства. Зокрема, розглядаються принципи організації геномів різних організмів та методи отримання інформації про функціонування генів і геномів. Розглядаються методи визначення первинної структури ДНК, отримання та аналізу рекомбінантних ДНК, клонування специфічних генів та використання клонованої ДНК, полімеразної ланцюгової реакції, картування геному, а також отримання інформації про структурну організацію цілих геномів, про функціональну геноміку, яка характеризує продукти генної експресії.

4. Завдання (навчальні цілі):

Опанувавши курс, студент повинен:

- знати молекулярну будову нуклеїнових кислот, їх хімічні і фізичні властивості та методи синтезу;
- знати хімічні властивості, молекулярну будову нуклеїнових кислот та методи їх синтезу;
- мати уявлення про склад, властивості та структуру нуклеїнових кислот, таких як ДНК та РНК;
- мати уявлення про структуру та динаміку зміни структури ДНК та РНК;
- знати механізми транспорту РНК крізь бішарову ліпідну мембрану ядра клітини;
- знати механізми біосинтезу та біодеградації нуклеїнових кислот.

Дисципліна спрямована на досягнення таких загальних та фахових компетентностей:

ЗК1 (знання та розуміння предметної області та розуміння професійної діяльності),

ЗК14 (здатність до пошуку, критичного аналізу та обробки інформації з різних джерел),

ФК3 (здатність організовувати, планувати та реалізовувати хімічний експеримент),

ФК6 (здатність здобувати нові знання в галузі хімії та інтегрувати їх із уже наявними),

ФК13.8 (здатність отримувати природні органічні сполуки та їх аналоги в індивідуальному стані, здійснювати їх модифікацію),

ФК14.8 (здатність доводити будову та визначати властивості природних органічних сполук та їх аналогів за допомогою сучасних фізико-хімічних методів дослідження).

5. Результати навчання за дисципліною.

Результати навчання (1. знати; 2, вміти; 3, комунікація; 4, автономність та відповідальність)		Форма (та/або методи і технології) викладання і навчання	Методи оцінювання*	Відсоток у підсумковій оцінці з дисципліни
Код	Результати навчання			
1.1	Знати молекулярну будову рибонуклеїнових кислот, їх хімічні і фізичні властивості та методи синтезу	Лекції, самостійні роботи	<i>КР, ОДР</i>	10
1.2	Знати хімічні властивості, молекулярну будову дезоксирибонуклеїнових кислот та методи їх синтезу			
1.3	Мати уявлення про склад, властивості та просторову будову нуклеїнових кислот		<i>КР, ОДР, іспит</i>	15
1.4	Знати принципи полімеразної ланцюгової реакції та умови її практичної реалізації			
2.1	Застосовувати отримані знання і розуміння для вирішення задач на практиці			
2.2	Здійснювати систематизацію та критичний аналіз даних у дослідженні нуклеїнових кислот.		<i>КР, ОДР</i>	8
2.3	Знати механізми синтезу рибо- та дезоксирибонуклеїнових кислот			
3.1	Володіти навичками публічної мови та ведення дискусії з колегами та цільовою аудиторією.	Лекції	<i>ОДР, залік</i>	5
3.2	Використовувати сучасні інформаційно-комунікаційні технології для спілкування, обміну та інтерпретації даних.	Лекції, самостійні роботи	<i>КР, ОДР, залік</i>	6
4.1	Брати на себе відповідальність за планування та виконання експериментів			
4.2	Уміти вчитись самостійно для безперервного професійного розвитку в області хімії нуклеїнових кислот.	Самостійні роботи		5

* *Контрольні роботи (КР)*

* *Обов'язкові домашні (самостійні) роботи (ОДР)*

6. Співвідношення результатів навчання дисципліни із програмними результатами навчання

Результати навчання дисципліни(код)	1.1	1.2	1.3	1.4	2.1	2.2	2.3	3.1	3.2	4.1	4.2
Програмні результати навчання (назва)											
ПРН19.8. Отримувати природні органічні сполуки та їх аналоги в індивідуальному стані, здійснювати їх модифікацію	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ПРН20.8. Доводити будову та визначати властивості природних органічних сполук та їх аналогів за допомогою сучасних фізико-хімічних методів дослідження	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

7. Схема формування оцінки

7.1. Форми оцінювання студентів:

- семестрове оцінювання

1. контрольні роботи (2) – по 20 балів (КР)

2. обов'язкові домашні (самостійні) роботи (2) – по 10 балів (ОДР)

- підсумкове оцінювання – підсумкова контрольна робота – 40 балів

- рекомендовані умови допуску до підсумкової контрольної роботи: сумарна кількість балів за попередніми формами поточного контролю не менше 36.

7.2. Організація оцінювання:

Обов'язкові домашні (самостійні) роботи (ОДР) – 2 роботи по 10 балів.

ОДР виконуються студентами протягом періоду, що виділений на відповідний модуль та мають бути передані викладачу на перевірку та оцінку до закінчення цього модулю. Мінімальна оцінка кожної ОДР дорівнює 6 балам. Якщо робота одержала 5 або менше балів, або вчасно не передана викладачу на перевірку, то викладач може змінити завдання та призначити нові терміни здачі ОДР. У випадку невиконання або неналежного виконання ОДР (сума одержаних за 2 ОДР балів менше 12), студент може бути недопущений до підсумкової контрольної роботи.

Контрольні роботи (КР) – 2 роботи по 20 балів.

КР студенти пишуть наприкінці відповідної частини. Мінімальна оцінка кожної КР дорівнює 12 балам. Якщо робота одержала 11 або менше балів, то викладач може призначити новий термін написання КР. У випадку невиконання або неналежного виконання КР (сума одержаних за 2 КР балів є меншою за 36), студент може бути недопущений до підсумкової контрольної роботи.

Підсумкова контрольна робота – 40 балів

Підсумкова контрольна робота проводиться у письмовій формі. Мінімальна кількість балів, необхідна для позитивного оцінювання результатів роботи – 24 (якщо робота оцінена на 23 і менше балів, матеріал дисципліни вважається неопанованим, що вимагає повторного написання підсумкової контрольної роботи).

До написання підсумкової контрольної роботи може бути допущений студент, який виконав усі обов'язкові види робіт, які передбачаються навчальним планом з дисципліни "Нуклеїнові кислоти. Геноміка" (а саме: виконання зазначених у програмі 2 домашніх

самостійних робіт (ОДР), написання контрольних робіт (МКР), за що отримав сумарну оцінку в балах **не менше 36 балів**.

7.3. Шкала відповідності оцінок

Оцінка (за національною шкалою) / National grade	Рівень досягнень / Marks
Зараховано / Passed	60-100
Не зараховано / Fail	0-59

8. СТРУКТУРА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

ТЕМАТИЧНИЙ ПЛАН ЛЕКЦІЙ

№ п/п	Назва лекції	Кількість годин	
		Лекції	Самостійна робота
Частина 1 <i>“Будова нуклеїнових кислот”</i>			
1	Тема 1. Вступ. Історія науки.	2	
2	Виділення ДНК рослин за допомогою ЦТАБ методу.		2
3	Тема 2. Нуклеїнові кислоти.		2
4	Очищення та переосадження ДНК.		1
5	Тема 3. Нуклеозиди і нуклеотиди.	2	
6	Перевірка якості ДНК за допомогою електрофорезу в агарозному гелі.		2
7	Тема 4. Фізичні характеристики нуклеїнових кислот.	2	
8	Спектрофотометричне визначення концентрації ДНК.		2
9	Тема 5. Транспозонні генетичні елементи прокариот та еукариот.	2	
10	Полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР).		4
11	Тема 6. Технологія отримання рекомбінантних ДНК.	2	
12	RAPD, міні- та мікросателітний аналіз геномів.		4
13	Тема 7. Застосування технології рекомбінантних ДНК.		2
14	STS маркери. Контрольна робота 1	1	2
Частина 2 <i>“Первинна структура ДНК. Структурна геноміка”</i>			
15	Тема 8. Предмет та задачі геноміки.		2
16	Встановлення екзон- інтронної структури генів за допомогою біоінформаційних ресурсів.		2
17	Тема 9. Реплікація ДНК.	2	
18	Підбір праймерів до певних ділянок генів для подальшої їх ампліфікації (на прикладі програм Primer 3 express, Fast PCR та інших).		4
19	Тема 10. Визначення локусів на хромосомах.	2	
20	Виділення тотальної РНК.		4
21	Тема 11. Секвенування ДНК. Метод Сангера	2	

22	Визначення концентрації РНК за допомогою спектрофотометрії.		4
23	Тема 12. Первинна структура ДНК.	2	
24	Синтез кДНК з РНК за допомогою зворотної транскрипції (RT PCR). Контрольна робота 2	1	4
Частина 3 <i>“Функціональна геноміка”</i>			
25	Тема 13. Секвенування геномів.	2	
26	Дизайн праймерів та флюорисцентних зондів для оцінки рівня експресії за допомогою Taq Man методики (на прикладі генів, що кодують тубуліни тютюну).		4
27	Тема 14. Використання геномних карт в генетичному аналізі.		2
28	Блот гібридизація. Саузерн блотінг.		2
29	Тема 15. Функціональна геноміка.	2	
30	Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням Taq Man методики.		4
31	Тема 16. Вивчення взаємодії генів з використанням супресорного аналізу. Вивчення генних взаємодій за допомогою дріжджової двогібридної системи.	2	
32	Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням SYBR-green.		4
33	Тема 17. Вивчення регуляції генів в процесі індивідуального розвитку організму. ДНК-чипи.	1	
34	Нозерн блотінг. Вестерн блотінг. Підсумкова контрольна робота	2	5
Усього		28 + 1 год конц	61

Загальний обсяг – **90** годин, у тому числі:

Лекцій – **28** годин;

Консультації – **1** година;

Самостійна робота – **61** година.

9. Рекомендовані джерела

Основні

1. Griffiths A.J.F., Gelbart W.M., Miller J.H., Lewontin R.C. Modern Genetic Analysis. – W.H. Freeman and Company, 2000. – 675 p.

2. Костюк П.Г., Зима В.Л., Магура Ш.С., Мірошніченко М.С., Шуба М.Ф. Біофізика. – Київ: Видавництво “ВПЦ Київський університет”, 2008. – 567 с.

Додаткові:

1. Lesk A.M. Introduction to Genomics (3rd ed.). – New York: Oxford University Press, 2017. – 544 p.

2. Lodish H. et al. Molecular cell biology. 4 ed. – New York: W.H. Freeman, 2000. – 1192 p.

10. Додаткові ресурси (детальний план занять, питання на контрольні роботи та іспит).

Контрольні запитання та завдання 1

1. Мутації генів. Молекулярна основа мутацій. Мутаційний аналіз.
2. Інформаційна геноміка.
3. Структурна геноміка.
4. Геноміка, персональна геноміка.
5. Мінорні основи пуринового ряду.
6. Мінорні основи піримідинового ряду.
7. Визначення конфігурації глікозидного центру (Тодд).
8. Ендо- конформації рибози.
9. ДНК Спектри поглинання ДНК в різних станах.
10. Гіперхромний ефект.
11. Температура плавлення ДНК.
12. Інтервал T_m ДНК.
13. Відмінності в структурі А- і В- ДНК
14. Будова тРНК (третинна структура).
15. Хромосомні мутації. Зміни в кількості хромосом. Хромосомні перебудови.
16. Загальновідомі випадки мутацій хромосом людини.
17. Еволюція геному. Транспозонні генетичні елементи.
18. Інсертаційні послідовності.
19. Транспозони. Механізми транспозиції.
20. Перебудови, опосередковані транспозонними елементами.
21. Транспозонні елементи прокаріот.
22. Транспозоноподібні елементи дрозофіли.
23. Ретровіруси. Транспозиція, опосередкована РНК.
24. Транспозоноподібні елементи еукаріот.
25. Технологія рекомбінантних ДНК.
26. Створення рекомбінантних ДНК.
27. Клонування специфічних генів.
28. Використання клонованих ДНК.
29. Застосування технології рекомбінантних ДНК.
30. Мутагенез *in vitro*.
31. Експресія еукаріотичних генів в бактеріях.
32. Технологія рекомбінантних ДНК в еукаріотах.
33. Генна терапія.
34. Використання рекомбінантних ДНК для прямого виявлення алелей, що відповідають за виникнення захворювань.

Контрольні запитання та завдання 2

1. Предмет та задачі геноміки.
2. Організація послідовностей ДНК.
3. Функціональні повторювані послідовності.
4. Повторювані послідовності з невідомим функціями.
5. Спейсерна ДНК.
6. Визначення локусів на хромосомах.
7. Соматичні клітинні гібриди людина-гризун.
8. Хромосомні карти високої роздільної здатності.
9. Мейотичне картування за допомогою рекомбінації.
10. Поняття гібридизації *in situ*.
11. Мінісателітні та мікросателітні маркери.
12. Радіаційне гібридизаційне картування.

13. Фізичне картування геномів.
14. Хромосома-специфічні бібліотеки.
15. Секвенування випадкових клонів.
16. Секвенування впорядкованих клонів.
17. Автоматизація секвенування.
18. Використання геномних карт в генетичному аналізі.
19. Виділення генів шляхом позиційного клонування.
20. Виділення генів за допомогою генів-кандидатів.

Контрольні запитання та завдання 3

1. Характеристика протеому з використанням відкритих рамок зчитування (ORF).
2. Вивчення функцій генів-мішеней шляхом їх виключення за допомогою сайт-спрямованого мутагенезу.
3. Вивчення взаємодії генів з використанням супресорного аналізу.
4. Вивчення генних взаємодій за допомогою дріжджової двогібридної системи.
5. Вивчення регуляції генів в процесі індивідуального розвитку організму.
6. Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням SYBR-green.
7. Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням Taq Map методики.
8. ДНК-чіпи.

Питання на підсумкову контрольну

1. Геноміка (визначення).
2. Організація послідовностей ДНК в хромосомах.
3. Загальні уявлення про технологію рекомбінантних ДНК.
4. Функціонально повторювані послідовності.
5. Транспозонні послідовності.
6. Етапи отримання рекомбінантних ДНК.
7. Родина тандемно повторюваних генів (тандемні повтори).
8. ДНК маркери (**RFLP**, **SSLP**) Мінісателітні маркери. Мікросателітні маркери. Випадково ампліфіковані поліморфні ДНК (RAPDs).
9. Клонування специфічних генів. Вектори для клонування.
10. Некодуючі функціональні послідовності.
11. Гібридизація *in situ*. Картування шляхом радіаційних гібридів.
12. Створення бібліотеки ДНК. Типи бібліотек.
13. Теломери (структура та функція).
14. Відношення локусів до певних хромосом (гель електрофорез в пульсуючому полі, соматичні клітинні гібриди людини та гризунів).
15. Пошук специфічних клонів за допомогою проб.
16. Що таке ДНК – праймаза, її роль в реплікації.
17. Як відбувається синтез ДНК на відстаючих ланцюгах.
18. Яку роль виконують SSB – білки при реплікації.
19. Відмінності в синтезі фрагментів Оказакі в еукаріот і прокаріот.
20. Фізичне картування геному. Вектори, що можуть вміщувати (нести) дуже великі вставки.
21. Саузерн-, нозерн-, вестерн- блотінг.
22. Функціонально повторювані послідовності.
23. Полімеразна ланцюгова реакція.
24. Родина дисперсних (розкиданих) генів.
25. Організація послідовностей ДНК в хромосомах.
26. Секвенування ДНК (по Сенгеру).
27. Секвенування випадкових та впорядкованих клонів.

28. Автоматизація секвенування.
29. Характеристика протеому з використанням відкритих рамок зчитування (ORF).
30. Вивчення функцій генів-мішеней шляхом їх виключення за допомогою сайт-спрямованого мутагенезу.
31. Вивчення взаємодії генів з використанням супресорного аналізу.
32. Вивчення генних взаємодій за допомогою дріжджової двогібридної системи.
33. Вивчення регуляції генів в процесі індивідуального розвитку організму.
34. Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням SYBR-green.
35. Оцінка експресії генів за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням Taq Man методики.
36. ДНК-чіпи.