

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
профессионального образования
Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова
Факультет биоинженерии и биоинформатики

УТВЕРЖДАЮ

Декан
факультета биоинженерии
и биоинформатики,
академик

_____/В.П. Скулачев /

« ____ » _____ 20__ г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Наименование дисциплины:

Эукариотическая РНК: посттранскрипционные модификации и регуляторные функции

Уровень высшего образования:

специалитет

Направление подготовки (специальность):

06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

Форма обучения:

очная

Рабочая программа рассмотрена и одобрена

Ученым советом факультета

(протокол № _____, _____)

Москва 20__

Рабочая программа дисциплины разработана в соответствии с самостоятельно установленным МГУ образовательным стандартом (ОС МГУ) для реализуемых основных профессиональных образовательных программ высшего образования по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» (программы специалитета) в редакции приказа МГУ от 30 декабря 2016 г.

Год (годы) приема на обучение – 2016, 2017, 2018, 2019.

© Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова

Программа не может быть использована другими подразделениями университета и другими вузами без разрешения факультета.

Цель и задачи дисциплины

Цель курса - сформировать у студентов представления о новейших достижениях и методах современной молекулярной биологии.

Задачи курса - подготовка теоретической основы для глубокого понимания регуляторных функций эукариотической РНК

1. Место дисциплины в структуре ОПОП ВО: вариативная часть, профессиональный цикл, курс по выбору, курс – 5, семестр – 10.

2. Входные требования для освоения дисциплины, предварительные условия (если есть): освоение дисциплины «Общая и неорганическая химия», «Органическая химия», «Физическая химия», «Биохимия», «Молекулярная биология»

3. Планируемые результаты обучения по дисциплине:

Уметь:

- самостоятельно приобретать с помощью информационных технологий новые знания и умения, расширять и углублять своё научное мировоззрение;

Владеть:

- современными методами молекулярной биологии на основании понимания их теоретических основ;

- способностью к поиску, критическому анализу, обобщению и систематизации научной информации, к постановке целей исследования и выбору оптимальных путей и методов их достижения;

- способностью использовать профессиональные теоретические и практические знания для проведения исследований в области молекулярной биологии способность использовать углубленные специализированные знания для проведения исследований в области молекулярной биологии.

4. Формат обучения – лекционные занятия.

5. Объем дисциплины составляет 2 з.е., в том числе 32 академических часа, отведенных на контактную работу обучающихся с преподавателем, 40 академических часов на самостоятельную работу обучающихся.

6. Краткое содержание дисциплины (аннотация):

Курс лекций «Эукариотическая РНК: посттранскрипционные модификации и регуляторные функции» для студентов 5-го курса факультета биоинженерии и биоинформатики представляет собой изложение новейших достижений и методов современной молекулярной биологии.

Основное внимание уделяется подготовке теоретической основы для глубокого понимания регуляторных функций эукариотической РНК. Акцент делается на необходимости критического подхода при анализе доступной информации. Например, значимая часть известной информации о последовательностях рибонуклеиновых кислот получена в результате секвенирования «посредника» - дезоксирибонуклеиновой кислоты. Это неизбежно приводит к чрезмерному упрощению, и, как следствие, потере данных о наличии модифицированных рибонуклеотидов в РНК. В настоящее время появляются новые методы, способные устранить эту проблему, например, способ прямого нанопорового секвенирования РНК без амплификации, что нашло отражение в соответствующей лекции.

В курсе уделено внимание разъяснению историй совершения открытий, вошедших спустя время в широкую лабораторную и, зачастую, клиническую практику. Также описаны недавние открытия, которые по субъективному мнению лектора станут прорывными в ближайшие пять-десять лет. В курсе подробно разъясняется известная эволюционная подоплёка посттранскрипционных модификаций и регуляторных функций Эукариотической РНК. При чтении лекций разъясняются принципы грамотной работы с научной литературой.

Курс состоит из разделов, в которых отражено современное состояние научных знаний по темам: «Структура и функции РНК», «Модификация оснований РНК», «Функции редактирования РНК», «Флуоресцентные репортеры». «Функциональная роль

модификаций РНК в ядре и цитоплазме», «Функциональная роль модификаций РНК в процессах РНК интерференции», «Функциональная роль модификаций РНК при вирусной инфекции и иммунном ответе», «Малые РНК. Длинные некодирующие РНК. Круглые РНК», «Вклад мобильных элементов в эукариотический транскриптом».

Наименование и краткое содержание разделов и тем дисциплины, Форма промежуточной аттестации по дисциплине	Всего (часы)	В том числе			
		Контактная работа (работа во взаимодействии с преподавателем) Виды контактной работы, часы			Самостоятельная работа обучающегося, часы (виды самостоятельной работы – эссе, реферат, контрольная работа и пр. – указываются при необходимости)
		Занятия лекционного типа	Занятия семинарского типа	Всего	
Структура и функции РНК	4	4	0	4	Изучение литературы по теме
Модификация оснований РНК	3	3 Устный опрос	0	3	Изучение литературы по теме
Функции редактирования РНК	3	3 Устный опрос	0	3	Изучение литературы по теме
Флуоресцентные репортеры.	2	2 Устный опрос	0	2	Изучение литературы по теме
Функциональная роль модификаций РНК в ядре и цитоплазме.	4	4 Устный опрос	0	4	Изучение литературы по теме
Функциональная роль модификаций РНК в процессах РНК интерференции	4	4 Устный опрос	0	4	Изучение литературы по теме
Функциональная роль модификаций РНК при вирусной инфекции и иммунном ответе.	4	4 Устный опрос	0	4	Изучение литературы по теме
Малые РНК. Длинные некодирующие РНК. Круглые РНК.	4	4 Устный опрос	0	4	Изучение литературы по теме
Вклад мобильных элементов в эукариотический транскриптом	4	4 Устный опрос	0	4	Изучение литературы по теме

Промежуточная аттестация – зачет			2(количество часов, отведенных на промежуточную аттестацию)
Итого	72	32	40

7. Фонд оценочных средств (ФОС) для оценивания результатов обучения по дисциплине

7.1. Типовые контрольные задания или иные материалы для проведения текущего контроля успеваемости.

1. Какие существуют методы секвенирования нуклеиновых кислот? Что такое «три поколения» методов секвенирования нуклеиновых кислот?
2. Как отсеквенировать белок?
3. Сколько модификаций рибонуклеотидов известно (примерно)? Назовите некоторые из них.
4. Как можно неспецифично идентифицировать модификацию рибонуклеотида?
5. Что такое кэпирование? В чём разница между разными типами кэпирования? Зачем нужно кэпирование?
6. Что делает гидовая РНК у кинетопластид?
7. Что такое ADAR? Функция? Какие заболевания ассоциированы с нарушением работы ADAR?
8. Как детектировать инозин в РНК?
9. Что такое APOBEC? Функция?
10. Что такое ядрышко? Что такое мяРНК? Какие типы мяРНК существуют? Зачем они нужны?
11. Что такое тельце Кахаля? Что такое scaRNA?
12. Что такое псевдоуридин? Как получается? Как детектировать псевдоуридин?
13. Что такое 2'-О-метилование рибозы? Как получается? Как детектировать эту модификацию?
14. Что такое метилирование мРНК? Как детектировать?
15. Что такое флуоресцентные белки? Как их используют?
16. Что такое Саузерн блоттинг? Что такое Вестерн блоттинг?
17. Что такое ДНК-зависимая РНК-полимераза? Какие типы есть у млекопитающих?
18. Что такое полиаденилирование мРНК? Как происходит этот процесс? Зачем нужно?
19. Что такое альтернативное полиаденилирование мРНК?
20. Какая модификация рибонуклеотида самая частая?
21. Что такое RACE?
22. Что такое сплайсинг? Что такое интрон? Что такое экзон?
23. Этапы сплайсинга. Какие конкретно РНК вовлечены в сплайсинг? Почему эти РНК так называются?
24. Что такое трансляция? Как она происходит?
25. Что такое кэп-независимая трансляция?
26. Что такое YTHDF2?
27. Что такое стоп-кодон? Как происходит терминация трансляции? Что будет, если в стоп-кодоне U заменить на псевдоуридин?
28. Что такое circRNA? Функции?
29. Что такое РНК-интерференция? Что такое DICER, DROSHA, AGO?

30. Что такое miRNA, siRNA, piRNA?
31. Как miRNA могут быть отредактированы?
32. Что такое lncRNA?
33. Какова связь между APOBEC и ВИЧ?
34. Какова связь между ADAR и корью?
35. Что такое заикание РНК-зависимой РНК-полимеразы (polymerase stuttering)?
36. Что такое кража кэпа (cap-snatching)?
37. Что такое ribosomal skipping?
38. Что такое G-quadruplex?
39. Что такое ДНК-транспозоны?
40. Что такое ретротранспозоны?
41. Что такое уридилирование РНК?

7.2. Типовые контрольные задания или иные материалы для проведения промежуточной аттестации.

1. Какие существуют методы секвенирования нуклеиновых кислот? Что такое «три поколения» методов секвенирования нуклеиновых кислот?
2. Как отсеквенировать белок?
3. Сколько модификаций рибонуклеотидов известно (примерно)? Назовите некоторые из них.
4. Как можно неспецифично идентифицировать модификацию рибонуклеотида?
5. Что такое кэпирование? В чём разница между разными типами кэпирования? Зачем нужно кэпирование?
6. Что делает гидовая РНК у кинетопластид?
7. Что такое ADAR? Функция? Какие заболевания ассоциированы с нарушением работы ADAR?
8. Как детектировать инозин в РНК?
9. Что такое APOBEC? Функция?
10. Что такое ядрышко? Что такое мяРНК? Какие типы мяРНК существуют? Зачем они нужны?
11. Что такое тельце Кахаля? Что такое scaRNA?
12. Что такое псевдоуридин? Как получается? Как детектировать псевдоуридин?
13. Что такое 2'-О-метирирование рибозы? Как получается? Как детектировать эту модификацию?
14. Что такое метилирование мРНК? Как детектировать?
15. Что такое флуоресцентные белки? Как их используют?
16. Что такое Саузерн блоттинг? Что такое Вестерн блоттинг?
17. Что такое ДНК-зависимая РНК-полимераза? Какие типы есть у млекопитающих?
18. Что такое полиаденилирование мРНК? Как происходит этот процесс? Зачем нужно?
19. Что такое альтернативное полиаденилирование мРНК?
20. Какая модификация рибонуклеотида самая частая?
21. Что такое RACE?
22. Что такое сплайсинг? Что такое интрон? Что такое экзон?
23. Этапы сплайсинга. Какие конкретно РНК вовлечены в сплайсинг? Почему эти РНК так называются?
24. Что такое трансляция? Как она происходит?

25. Что такое кэп-независимая трансляция?
26. Что такое YTHDF2?
27. Что такое стоп-кодон? Как происходит терминация трансляции? Что будет, если в стоп-кодоне U заменить на псевдоуридин?
28. Что такое circRNA? Функции?
29. Что такое РНК-интерференция? Что такое DICER, DROSHA, AGO?
30. Что такое miRNA, siRNA, piRNA?
31. Как miRNA могут быть отредактированы?
32. Что такое lncRNA?
33. Какова связь между АРОВЕС и ВИЧ?
34. Какова связь между ADAR и корью?
35. Что такое заикание РНК-зависимой РНК-полимеразы (polymerase stuttering)?
36. Что такое кража кэпа (cap-snatching)?
37. Что такое ribosomal skipping?
38. Что такое G-quadruplex?
39. Что такое ДНК-транспозоны?
40. Что такое ретротранспозоны?
41. Что такое уридилирование РНК?

Шкала и критерии оценивания результатов обучения по дисциплине.

Результаты обучения	«Неудовлетворительно»	«Удовлетворительно»	«Хорошо»	«Отлично»
Умения: самостоятельно приобретать с помощью информационных технологий новые знания и умения, расширять и углублять своё научное мировоззрение	Умения отсутствуют	В целом успешное, но не систематическое умение, допускает неточности не принципиального характера	В целом успешное, но содержащее отдельные пробелы умение приобретать новые знания	Успешное умение приобретать новые знания и углублять мировоззрение
Владения: - современными методами молекулярной биологии на основании их теоретических основ; - способностью к поиску, критическому анализу, обобщению и систематизации научной информации, к	Навыки владения отсутствуют	Фрагментарное владение методами, наличие отдельных навыков.	В целом, сформированны навыки владения современными методами молекулярной биологии	Владение современным и методами молекулярной биологии, способностью к критическому анализу, обобщению научной информации.

<p>постановке целей исследования и выбору оптимальных путей и методов их достижения; - способностью использовать профессиональные теоретические и практические знания для проведения исследований в области молекулярной биологии способность использовать углубленные специализированные знания для проведения исследований в области молекулярной биологии.</p>				
---	--	--	--	--

8. Ресурсное обеспечение:

- Перечень основной и дополнительной литературы
1. Б. Льюин, Гены – 2011
 2. Knoop V., When you can't trust the DNA: RNA editing changes transcript sequences – 2011, Cell Mol Life Sci.
 3. Hundley HA, Bass BL., ADAR editing in double-stranded UTRs and other noncoding RNA sequences – 2010, Trends Biochem Sci.
 4. Nishikura K., Functions and regulation of RNA editing by ADAR deaminases. – 2010, Annu Rev Biochem.
 5. Kiss T, Fayet-Lebaron E, Jády BE. - Box H/ACA small ribonucleoproteins – 2010, Mol Cell.
 6. Dominissini D, Moshitch-Moshkovitz S, Schwartz S, Salmon-Divon M, Ungar L, Osenberg S, Cesarkas K, Jacob-Hirsch J, Amariglio N, Kupiec M, Sorek R, Rechavi G - Topology of the human and mouse m6A RNA methylomes revealed by m6A-seq. – 2012 - Nature.
 7. Chudakov DM, Matz MV, Lukyanov S, Lukyanov KA - Fluorescent proteins and their applications in imaging living cells and tissues – 2010 - Physiol Rev.
 8. Farré JC, Aknin C, Araya A, Castandet B - RNA editing in mitochondrial trans-introns is required for splicing – 2012 - PLoS One.

9. Kraut-Cohen J, Gerst JE - Addressing mRNAs to the ER: cis sequences act up! – 2010 - Trends Biochem Sci.
 10. Miesen, P., Joosten, J., and van Rij, RP - PIWIs Go Viral: Arbovirus-Derived piRNAs in Vector Mosquitoes – 2016 - PLoS Pathog. 12 1–17. doi:10.1371/journal.ppat.1006017.
 11. Vogel, P., and Stafforst, T - Critical review on engineering deaminases for site-directed RNA editing – 2016, Curr. Opin. Biotechnol. 55 74–80. doi:10.1016/j.copbio.2018.08.006.
 12. Kuhn, JH., Krupovic, M., Koonin, EV., Iranzo, J., Kazlauskas, D., Wolf, YI., et al - Origins and Evolution of the Global RNA Virome – 2016, MBio 9 1–31. doi:10.1128/mbio.02329-18.
 13. Koonin, EV., and Krupovic, M - The depths of virus exaptation – 2016, Curr. Opin. Virol. 31 1–8. doi:10.1016/j.coviro.2018.07.011.
 14. Mita, P., Wudzinska, A., Sun, X., Andrade, J., Nayak, S., Kahler, DJ., et al - LINE-1 protein localization and functional dynamics during the cell cycle, 2016, Elife 7 1–35. doi:10.7554/elife.30058.
 15. Dang, W., Xie, Y., Cao, P., Xin, S., Wang, J., Li, S., et al, N6-Methyladenosine and Viral Infection, 2016, Front. Microbiol. 10 1–12. doi:10.3389/fmicb.2019.00417.
 16. Tan, CCS., Maurer-Stroh, S., Wan, Y., Sessions, OM., and de Sessions, PF, A novel method for the capture-based purification of whole viral native RNA genomes, 2016, AMB Express 9 45. doi:10.1186/s13568-019-0772-y.
- Описание материально-технического обеспечения.
 - проектор
 - доступ к Интернет-ресурсам (электронные библиотеки) для самостоятельной работы.