

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
**«РОССИЙСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ Н.И. ПИРОГОВА»**
МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
(ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России)

СОГЛАСОВАНО

Декан факультета подготовки
кадров высшей квалификации
ФГАОУ ВО РНИМУ
им. Н.И. Пирогова Минздрава России

_____ М.В. Хорева

«23» июня 2022 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)
«МАТЕМАТИЧЕСКАЯ БИОЛОГИЯ, БИОИНФОРМАТИКА»**

Научная специальность

1.5.8 Математическая биология, биоинформатика

Москва, 2022 г.

Рабочая программа дисциплины (модуля) «Математическая биология, биоинформатика» разработана в соответствии с Федеральными государственными требованиями, утверждёнными приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от 20.10.2021 № 951, педагогическими работниками кафедры биоинформатики МБФ.

№	Фамилия, имя, отчество	Ученая степень, звание	Занимаемая должность в Университете, кафедра
1	Лагунин Алексей Александрович	д-р биол. наук, проф. РАН	Заведующий кафедрой биоинформатики МБФ
2	Муравьева Елена Степановна	канд. биол. наук	Доцент кафедры биоинформатики МБФ

Рабочая программа дисциплины (модуля) «Математическая биология, биоинформатика» рассмотрена и одобрена на заседании кафедры биоинформатики МБФ. протокол № 7 от «28» апреля 2022 г.

Заведующий кафедрой _____/А.А. Лагунин/

ОГЛАВЛЕНИЕ

1. Цель и задачи изучения дисциплины (модуля)	4
2. Объем дисциплины (модуля) по видам учебной работы.....	4
3. Содержание дисциплины (модуля).....	4
4. Учебно-тематический план дисциплины (модуля)	5
5. Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы обучающихся	5
6. Оценочные средства для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся	6
7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)	11
8. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля)	13
9. Методические указания для обучающихся по изучению дисциплины (модуля)	14
10. Методические рекомендации преподавателю по организации учебного процесса по дисциплине (модулю).....	14

1. Цель и задачи изучения дисциплины (модуля)

Цель изучения дисциплины (модуля)

Изучение дисциплины (модуля) «Математическая биология, биоинформатика» предоставляет профессиональную подготовку научных и научно-педагогических кадров высшей квалификации по научной специальности 1.5.8 Математическая биология, биоинформатика.

Задачи дисциплины (модуля)

1. Сформировать навыки работы с геномными данными.
2. Сформировать знания об использовании методов биоинформатики в геномных исследованиях.
3. Сформировать у обучающегося умения в освоении новейших технологий и методик в сфере профессиональных интересов по научной специальности «Математическая биология, биоинформатика».
4. Сформировать навыки использования методов биоинформатики и крупнейших международных интернет ресурсов биомедицинских данных необходимых для решения фундаментальных и прикладных биомедицинских задач, связанных с эффективной диагностикой и персонализированным лечением пациентов.

2. Объем дисциплины (модуля) по видам учебной работы

Таблица 1

Виды учебной работы	Всего, час.	Объем по полугодиям							
		1	2	3	4	5	6	7	8
Контактная работа обучающегося с преподавателем по видам учебных занятий (Контакт. раб.):	144	-	-	112	32	-	-	-	-
Лекционное занятие (Л)	48	-	-	32	16	-	-	-	-
Семинарское/практическое занятие (СПЗ)	96	-	-	80	16	-	-	-	-
Самостоятельная работа обучающегося, в том числе подготовка к промежуточной аттестации (СР)	108	-	-	68	40	-	-	-	-
Вид промежуточной аттестации: Зачет (З), Зачет с оценкой (ЗО), Экзамен (Э), Кандидатский экзамен (КЭ)	36 3, КЭ	-	-	3	36 КЭ	-	-	-	-
Общий объем	в часах	288	-	-	180	108	-	-	-
	в зачетных единицах	8	-	-	5	3	-	-	-

3. Содержание дисциплины (модуля)

Раздел 1. Клиническая биоинформатика

- 1.1. Связь между геномом человека и заболеваниями
- 1.2. GWAS (широкомасштабные исследования геномных ассоциаций)
- 1.3. Метагеномные исследования
- 1.4. Анализ генома опухолей
- 1.5. Анализ внеклеточной ДНК
- 1.6. Использование методов биоинформатики в иммунологии
- 1.7. Лекарственная резистентность

1.8. Использование биоинформатики в современных исследованиях

Раздел 2. Анализ геномов

2.1. Организация ДНК в эукариотических хромосомах

2.2. Функциональная геномика и протеомика

2.3. Древо жизни и геномы

2.4. Геномы вирусов

2.5. Геномы бактерий и архей

2.6. Геномы грибов

2.7. Эукариотические геномы от паразитов до приматов

2.8. Геном человека

4. Учебно-тематический план дисциплины (модуля)

Таблица 2

Номер раздела, темы	Наименование разделов, тем	Количество часов					Форма контроля
		Всего	Конт акт. раб.	Л	СПЗ	СР	
	Полугодие 3	180	112	32	80	68	Зачет
Раздел 1	Клиническая биоинформатика	180	112	32	80	68	Устный опрос
Тема 1.1	Связь между геномом человека и заболеваниями	20	12	4	8	8	
Тема 1.2	GWAS (широкомасштабные исследования геномных ассоциаций)	20	12	4	8	8	
Тема 1.3	Метагеномные исследования	20	12	4	8	8	
Тема 1.4	Анализ генома опухолей	44	28	4	24	16	
Тема 1.5	Анализ внеклеточной ДНК	20	12	4	8	8	
Тема 1.6	Использование методов биоинформатики в иммунологии	16	12	4	8	4	
Тема 1.7	Лекарственная резистентность	20	12	4	8	8	
Тема 1.8	Использование биоинформатики в современных исследованиях	20	12	4	8	8	
	Полугодие 4	108	32	16	16	40	36 час - КЭ
Раздел 2	Анализ геномов	72	32	16	16	40	Устный опрос
Тема 2.1	Организация ДНК в эукариотических хромосомах	10	4	2	2	6	
Тема 2.2	Функциональная геномика и протеомика	10	4	2	2	6	
Тема 2.3	Древо жизни и геномы	10	4	2	2	6	
Тема 2.4	Геномы вирусов	10	4	2	2	6	
Тема 2.5	Геномы бактерий и архей	8	4	2	2	4	
Тема 2.6	Геномы грибов	8	4	2	2	4	
Тема 2.7	Эукариотические геномы от паразитов до приматов	8	4	2	2	4	
Тема 2.8	Геном человека	8	4	2	2	4	
	Общий объем	288	144	48	96	108	36 час

5. Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы обучающихся

Цель самостоятельной работы обучающихся заключается в глубоком, полном

усвоении учебного материала и в развитии навыков самообразования. Самостоятельная работа может включать: работу с текстами, литературой, учебно-методическими пособиями, нормативными материалами, в том числе материалами сети интернет, а также проработку конспектов лекций, написание докладов, рефератов, участие в работе семинаров, научных конференциях и пр.

Задания для самостоятельной работы

Таблица 3

Номер раздела	Наименование раздела	Вопросы для самостоятельной работы
1	Клиническая биоинформатика	Связь между геномом человека и заболеваниями; GWAS; Метагеномные исследования; Анализ генома опухолей; Анализ внеклеточной ДНК; Использование методов биоинформатики в иммунологии; Лекарственная резистентность; Использование биоинформатики в современных исследованиях
2	Анализ геномов	Организация ДНК в эукариотических хромосомах; Функциональная геномика и протеомика; Древо жизни и геномы; Геномы вирусов; Геномы бактерий и архей; Геномы грибов; Эукариотические геномы от паразитов до приматов; Геном человека

Контроль самостоятельной работы осуществляется на семинарских (практических) занятиях.

6. Оценочные средства для проведения текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации обучающихся

Примерные варианты оценочных заданий для текущего контроля успеваемости

Таблица 4

Раздел, тема	Наименование разделов, тем	Форма контроля	Оценочное задание
	Полугодие 3		
Раздел 1	Клиническая биоинформатика	Устный опрос	Вопросы к опросу: 1. Связь заболеваний с вариацией генома. 2. Категории болезней. 3. Частоты аллелей и величина эффекта. 4. Моногенные заболевания. 5. Сложные заболевания. 6. Геномные (хромосомные) заболевания. 7. Высокоплотное чип-генотипирование. 8. Форматы данных генотипирования. 9. Контроль качества результатов генотипирования. 10. Анализ вариантов на равновесие Харди-Вайнберга.
Тема 1.1	Связь между геномом человека и заболеваниями		
Тема 1.2	GWAS (широкомасштабные исследования геномных ассоциаций)		
Тема 1.3	Метагеномные исследования		
Тема 1.4	Анализ генома опухолей		
Тема 1.5	Анализ внеклеточной ДНК		
Тема 1.6	Использование методов биоинформатики в иммунологии		
Тема 1.7	Лекарственная резистентность		
Тема 1.8	Использование биоинформатики в современных исследованиях		
	Полугодие 4		
Раздел 2	Анализ геномов	Устный опрос	Вопросы к опросу: 1. Блоки tandemных повторов. 2. Вариация в хромосомной ДНК. 3. Выводы проекта ENCODE. Критика проекта ENCODE.
Тема 2.1	Организация ДНК в эукариотических хромосомах		
Тема 2.2	Функциональная геномика и протеомика		

Тема 2.3	Древо жизни и геномы		4. Методы измерения хромосомных изменений. 5. Псевдогены, их виды. 6. Организация эукариотической хромосомы. 7. Особенности бактериальных и эукариотических геномов. 8. Парадокс значения С. 9. Перемежающиеся повторы. 10. Повторы простых последовательностей.
Тема 2.4	Геномы вирусов		
Тема 2.5	Геномы бактерий и архей		
Тема 2.6	Геномы грибов		
Тема 2.7	Эукариотические геномы от паразитов до приматов		
Тема 2.8	Геном человека		

Вопросы для подготовки к промежуточной аттестации

Перечень вопросов к зачету

1. Связь заболеваний с вариацией генома.
2. Категории болезней.
3. Частоты аллелей и величина эффекта.
4. Моногенные заболевания.
5. Сложные заболевания.
6. Геномные (хромосомные) заболевания.
7. Болезни вызванные окружающей средой и геномные вариации.
8. Национальные и половые особенности заболеваний.
9. Генетические вариации и болезни органелл.
10. Высокоплотное чип-генотипирование.
11. Форматы данных генотипирования.
12. Контроль качества результатов генотипирования.
13. Анализ вариантов на равновесие Харди-Вайнберга.
14. Контроль образцов.
15. Выравнивание данных на плюс-цепь.
16. Фазирование и импутация.
17. Полногеномные ассоциативные исследования.
18. Поправка на множественное сравнение при полногеномных ассоциативных исследованиях.
19. Метод анализа полногеномных баллов.
20. Скрининг новорожденных.
21. Пренатальный генетический скрининг.
22. Пренатальный генетический скрининг носителей.
23. Оценка риска заболеваний.
24. Скрининг по этнической принадлежности.
25. Скрининг с использованием мультиплексной панели.
26. Полногеномный анализ.
27. Полноэкзомное секвенирование.
28. Типичные индивидуальные отличия от референсного генома.
29. Базовая аннотация вариантов.
30. Расширенная аннотация вариантов.
31. Прогнозирование эффекта несинонимичных вариантов.
32. Косегрегация варианта с заболеванием в семьях.
33. Особенности злокачественных и доброкачественных опухолей.

34. Соматические и герминативные мутации
35. Клональная эволюция раковых клеток. Борьба с гетерогенностью.
36. Мутации драйверы и пассажиры.
37. Поиск драйверных генов.
38. Онкогены и онкосупрессоры.
39. Признаки рака. Раковый геном.
40. Молекулярные портреты опухолей.
41. Проект Cancer Genome.
42. Базы данных Tumor Portal и Cosmic.
43. Аннотация мутаций. Предсказание функциональной значимости мутации.

Примеры программ.

44. Связь между мутациями и терапией. My Cancer Genome.
45. Скрининг новорожденных.
46. Пренатальный генетический скрининг.
47. Пренатальный генетический скрининг носителей.
48. Оценка риска заболеваний.
49. Скрининг по этнической принадлежности.
50. Скрининг с использованием мультиплексной панели.
51. Использование полногеномного и полноэкзомного секвенирования в скрининге.
52. Типичные индивидуальные отличия от референсного генома.
53. Базовая и расширенная аннотация вариантов.
54. Прогнозирование эффекта несинонимичных вариантов.
55. Эпитопы. Типы, свойства и идентификация.
56. В-эпитопы. Особенности. Предсказание В-эпитопов.
57. Т-эпитопы. Особенности. Предсказание Т-эпитопов.
58. Неинвазивный пренатальный ДНК-тест анеуплоидий.
59. Методы определения внеклеточной ДНК плода.
60. Ограничения использования неинвазивного пренатального ДНК-теста.
61. Преимплантационный генетический скрининг.
62. Основные методы преимплантационного генетического скрининга.
63. Преимплантационная генетическая диагностика.
64. Понятие о лекарственной резистентности. Основные механизмы лекарственной резистентности.
65. Методы прогноза мутаций, связанных с лекарственной резистентности на основе структуры белков.
66. Методы прогноза мутаций, связанных с лекарственной резистентности на основе последовательности белков.
67. Основные базы данных о резистентных мутациях.

Перечень вопросов к кандидатскому экзамену

1. Категории болезней. Связь заболеваний с вариацией генома. Национальные и половые особенности заболеваний.
2. Моногенные и сложные заболевания. Частоты аллелей и величина эффекта.

3. Болезни вызванные окружающей средой и геномные вариации. Генетические вариации и болезни органелл.
 4. Высокоплотное чип-генотипирование. Форматы данных генотипирования.
 5. Контроль качества результатов генотипирования. Выравнивание данных на плюс-цепь.
 6. Фазирование и импутация.
 7. Полногеномные ассоциативные исследования.
 8. Полнотранскриптомные ассоциативные исследования.
 9. Метод анализа полногеномных баллов.
 10. Особенности злокачественных и доброкачественных опухолей.
 11. Соматические и герминативные мутации.
 12. Клональная эволюция раковых клеток. Борьба с гетерогенностью.
 13. Мутации драйверы и пассажиры. Поиск драйверных генов.
 14. Онкогены и онкосупрессоры.
 15. Молекулярные портреты опухолей.
 16. Проект Cancer Genome. Базы данных Tumor Portal и Cosmic.
 17. Аннотация мутаций. Предсказание функциональной значимости мутации.
- Примеры программ.
18. Связь между мутациями и терапией. My Cancer Genome.
 19. Скрининг новорожденных.
 20. Пренатальный генетический скрининг. Пренатальный генетический скрининг носителей.
 21. Оценка риска заболеваний. Скрининг по этнической принадлежности. Скрининг с использованием мультиплексной панели.
 22. Сравнение полногеномного и полноэкзомного секвенирования.
 23. Базовая и расширенная аннотация вариантов.
 24. Прогнозирование эффекта несинонимичных вариантов.
 25. Косегрегация варианта с заболеванием в семьях.
 26. Неинвазивный пренатальный ДНК-тест анеуплоидий.
 27. Метод определения процента внеклеточной ДНК плода по длине фрагментов внеклеточной ДНК. Ограничения использования неинвазивного пренатального ДНК-теста.
 28. Использование биоинформатических методов в иммунологии.
 29. Неинвазивный пренатальный ДНК-скрининг по крови матери. Основные методы.
 30. Преимплантационный генетический скрининг. Основные методы преимплантационного генетического скрининга.
 31. Предимплантационная генетическая диагностика. SNP-гаплотипирование.
 32. Компьютерные методы анализа лекарственной резистентности.
 33. Анализ данных одноклеточного секвенирования.
 34. Использование методов биоинформатики в редактировании генома.
 35. Использование методов биоинформатики в судебно-медицинских исследованиях.
 36. Организация эукариотической хромосомы. Парадокс значения C.
 37. Особенности бактериальных и эукариотических геномов.

38. Повторяющиеся элементы ДНК у эукариот. Repeat Masker. Виды повторяющихся элементов.
39. Поиск генов в эукариотической ДНК. Регуляторные участки эукариотических хромосом.
40. Модельные организмы. Их особенности.
41. Протеомные подходы в функциональной геномике. Прямая и обратная протеомика.
42. Связь между генотипом и фенотипом. Подходы к определению функции генов.
43. Понятие функциональной геномики. Прямая и обратная генетика. Основные методы.
44. Древо жизни и геномы. Пять взглядов на геномику.
45. Разнообразие размеров генома. Наиболее значимые веб-ресурсы, связанные с информацией о геномах.
46. Крупномасштабные проекты секвенирования генома человека и модельных организмов.
47. Филогенетический футпринтинг.
48. Филогенетическое отслеживание.
49. Геномная аннотация. GC состав геномов разных организмов.
50. Вирусы. Особенности и размер их геномов. Виды классификации вирусов.
51. Классификация вирусов по составу нуклеиновых кислот. Разнообразие и эволюция вирусов.
52. Вирус иммунодефицита человека, особенности его генома и информационные ресурсы.
53. Вирус гриппа, особенности его генома, основные типы и подтипы вируса гриппа.
54. Вирус кори, особенности его генома.
55. Вирус Эбола, особенности генома.
56. Герпесвирусы, особенности генома.
57. Бактерии и археи. Особенности и размер их геномов. Особенности GC состава у бактерий. Классификация бактерий на основе филогенетического дерева рРНК
58. Микробиом человека. Выводы проектов Human Microbiome Project и Metagenomics of the Human Intestinal Tract.
59. Подходы к поиску генов. ORF.
60. Латеральный перенос генов.
61. Грибы, общая характеристика. Особенности и размер их геномов.
62. Особенности генома, генная номенклатура и дупликация генома *S. cerevisiae*
63. *Candida albicans*, особенности и размер генома.
64. Проект Геном человека. Цели. Результаты. Основные выводы. Классификация вариабельных элементов генома.
65. Мобильные элементы человеческого генома. Заболевания, связанные с мутациями в мобильных элементах.
66. Повторы последовательности в человеческом геноме. Понятие синтении. Примеры синтении.
67. Особенности генома человека по сравнению с геномами мухи и червя.

68. Группы хромосом человека. Геномные (хромосомные) заболевания.
69. Гаплотипы. Проект НарМар. Выводы. Проект 1000 геномов. Выводы.
70. Неравновесное сцепление.

Описание критериев и шкал оценивания

В ходе текущего контроля успеваемости (устный или письменный опрос, подготовка и защита реферата, доклад, презентация, тестирование и пр.) при ответах на учебных занятиях, а также промежуточной аттестации в форме кандидатского экзамена обучающиеся оцениваются по четырёхбалльной шкале: «отлично», «хорошо», «удовлетворительно», «неудовлетворительно».

Оценка «отлично» – выставляется аспиранту, если он глубоко усвоил программный материал, исчерпывающе, последовательно, четко и логически стройно его излагает, умеет связывать теорию с практикой, свободно справляется с задачами и вопросами, не затрудняется с ответами при видоизменении заданий, умеет принять правильное решение и грамотно его обосновывать, владеет разносторонними навыками и приемами выполнения практических задач, комплексной оценкой предложенной ситуации.

Оценка «хорошо» – выставляется аспиранту, если он твердо знает программный материал, грамотно и по существу излагает его, не допуская существенных неточностей при ответе на вопрос, но недостаточно полно раскрывает междисциплинарные связи, правильно применяет теоретические положения при решении практических вопросов и задач, владеет необходимыми навыками и приемами их выполнения, комплексной оценкой предложенной ситуации.

Оценка «удовлетворительно» – выставляется аспиранту, если он имеет поверхностные знания программного материала, не усвоил его деталей, допускает неточности, оперирует недостаточно правильными формулировками, нарушает логическую последовательность в изложении программного материала, испытывает затруднения при выполнении практических задач, испытывает затруднения с комплексной оценкой предложенной ситуации, не полностью отвечает на вопросы, в том числе при помощи наводящих вопросов преподавателя.

Оценка «неудовлетворительно» – выставляется аспиранту, который не знает значительной части программного материала, допускает грубые ошибки, неуверенно, с большими затруднениями решает практические задачи или не справляется с ними самостоятельно, не владеет комплексной оценкой ситуации, неверно выбирает тактику действий.

В ходе текущего контроля успеваемости (устный или письменный опрос, подготовка и защита реферата, доклад, презентация, тестирование и пр.) при ответах на учебных занятиях, а также промежуточной аттестации в форме зачета обучающиеся оцениваются по двухбалльной шкале:

Оценка «зачтено» – выставляется аспиранту, если он продемонстрировал знания программного материала, подробно ответил на теоретические вопросы, справился с выполнением заданий и (или) ситуационных задач, предусмотренных рабочей программой дисциплины (модуля).

Оценка «не зачтено» – выставляется аспиранту, если он имеет пробелы в знаниях программного материала, не владеет теоретическим материалом и допускает грубые, принципиальные ошибки в выполнении заданий и (или) ситуационных задач, предусмотренных рабочей программой дисциплины (модуля).

Шкала оценивания (четырёхбалльная или двухбалльная), используемая в рамках текущего контроля успеваемости определяется преподавателем, исходя из целесообразности применения той или иной шкалы.

Если текущий контроль успеваемости и (или) промежуточная аттестация, предусматривает тестовые задания, то перевод результатов тестирования в четырёхбалльную шкалу осуществляется по схеме:

Оценка «Отлично» – 90-100% правильных ответов;

Оценка «Хорошо» – 80-89% правильных ответов;

Оценка «Удовлетворительно» – 71-79% правильных ответов;

Оценка «Неудовлетворительно» – 70% и менее правильных ответов.

Перевод результатов тестирования в двухбалльную шкалу:

Оценка «Зачтено» – 71-100% правильных ответов;

Оценка «Не зачтено» – 70% и менее правильных ответов.

7. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

Таблица 5

№ п/п	Автор, наименование, место издания, издательство, год издания	Количество экземпляров
1	А. Леск ; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядоса. Введение в биоинформатику [Текст] : [учеб. для вузов] / - 2-е изд. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. - 318 с.	20
2	Молекулярная биология /Коничев, А. С. [Текст]: [учебник для высшего профессионального образования]. - 4-е изд., перераб. и доп. - Москва : Академия, 2012. - 400 с.	20
3	Молекулярная биология клетки [Текст] : руководство для врачей : пер с англ. / Д. М. Фаллер, Д. Шилдс ; [пер. с англ. А. Анваера и др.] ; под ред. И. Б. Збарского. - Москва : Бином-Пресс, 2014. - 256 с. http://www.studmedlib.ru/cgi-bin/mb4x?usr_data=access(2med,CGVSP0KGN9C11L7P-X0EF.ISBN9785996328772,1,cy0y43rrhl4.ru.ru)	Удаленный доступ

Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»

1. Официальный сайт РНИМУ: адрес ресурса – <https://rsmu.ru.ru/>, на котором содержатся сведения об образовательной организации и ее подразделениях, локальные нормативные акты, сведения о реализуемых образовательных программах, их учебно-методическом и материально-техническом обеспечении, а также справочная, оперативная и иная информация. Через официальный сайт обеспечивается доступ всех участников образовательного процесса к различным сервисам и ссылкам, в том числе к Автоматизированной системе подготовки кадров высшей квалификации (далее – АСПКВК);

2. ЭБС РНИМУ им. Н.И. Пирогова – Электронная библиотечная система;
3. ЭБС IPRbooks – Электронно-библиотечная система;
4. ЭБС Айбукс – Электронно-библиотечная система;
5. ЭБС Букап – Электронно-библиотечная система;
6. ЭБС Лань – Электронно-библиотечная система;
7. ЭБС Юрайт – Электронно-библиотечная система.

Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем

1. <http://www.consultant.ru> - Консультант студента, компьютерная справочная правовая система в РФ;
2. <https://www.garant.ru> - Гарант.ру, справочно-правовая система по законодательству Российской Федерации;
3. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - NCBI – Национальный центр биотехнологической информации (базы данных и компьютерные ресурсы по биоинформатике);
4. <https://genome.ucsc.edu/> – геномный браузер Университета Калифорнии Санта-Круз;
5. <https://www.ensembl.org/> – геномный браузер Ensembl;
6. <http://www.genome.jp/kegg/> - KEGG – коллекция баз данных по сигнальным и регуляторным путям Университета Киото;
7. <http://www.omim.org/> - OMIM – база данных менделевских наследованных признаков у людей;
8. <http://pfam.xfam.org/> - PFAM – база данных семейств белков с аннотациями и множественным выравниванием последовательностей сгенерированными с использованием скрытых марковских моделей;
9. <http://www.uniprot.org/> - UniProt – база данных с информацией о белках;
10. <http://www.ebi.ac.uk/> - – базы данных European Bioinformatics Institute (EBI);
11. <https://www.r-project.org/> / - основной сайт R;
12. <https://cran.r-project.org/> - архив пакетов для статистического анализа данных в R;
13. <http://www.bioconductor.org/> - Bioconductor – архив пакетов R, предназначенных для анализа молекулярно-биологических данных.

8. Материально-техническое обеспечение дисциплины (модуля)

Таблица 6

№ п/п	Наименование оборудованных учебных аудиторий	Перечень специализированной мебели, технических средств обучения
1	Учебные аудитории для проведения занятий лекционного и семинарского типов, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации	Персональные компьютеры с доступом в Интернет.
2	Помещения для самостоятельной работы (Библиотека, в том числе читальный зал)	Компьютерная техника с возможностью подключения к сети "Интернет" и обеспечением доступа к электронной информационно-образовательной среде РНИМУ.

Программное обеспечение

- MICROSOFT WINDOWS 7, 10;
- OFFICE 2010, 2013;
- Антивирус Касперского (Kaspersky Endpoint Security);
- ADOBE CC;
- Photoshop;
- Консультант плюс (справочно-правовая система);

- iSpring;
- Adobe Reader;
- Adobe Flash Player;
- Google Chrom, Mozilla Firefox, Mozilla Public License;
- 7-Zip;
- FastStone Image Viewer.

9. Методические указания для обучающихся по изучению дисциплины (модуля)

Преподавание дисциплины (модуля) осуществляется в соответствии с Федеральными государственными требованиями.

Основными формами получения и закрепления знаний по данной дисциплине (модулю) являются занятия лекционного и семинарского типа, самостоятельная работа обучающегося, в том числе под руководством преподавателя, прохождение контроля.

Учебный материал по дисциплине разделен на разделы:

Раздел 1. Клиническая биоинформатика.

Раздел 2. Анализ геномов.

Изучение дисциплины (модуля) согласно учебному плану предполагает самостоятельную работу обучающихся. Самостоятельная работа включает в себя изучение литературы, её конспектирование, подготовку к семинарским (практическим) занятиям, текущему контролю успеваемости и промежуточной аттестации.

Текущий контроль успеваемости по дисциплине (модулю) и промежуточная аттестация осуществляются в соответствии с Порядком организации и проведения текущего контроля успеваемости и Порядком проведения промежуточной аттестации обучающихся, устанавливающим формы проведения промежуточной аттестации, ее периодичность и систему оценок.

Наличие в Университете электронной информационно-образовательной среды, а также электронных образовательных ресурсов позволяет изучать дисциплину (модуль) инвалидам и лицам с ОВЗ.

Особенности изучения дисциплины (модуля) инвалидами и лицами с ОВЗ определены в Положении об организации получения образования для инвалидов и лиц с ограниченными возможностями здоровья.

10. Методические рекомендации преподавателю по организации учебного процесса по дисциплине (модулю)

Преподавание дисциплины (модуля) осуществляется в соответствии с Федеральными государственными требованиями.

При изучении дисциплины (модуля) рекомендуется использовать следующий набор средств и способов обучения:

- рекомендуемую литературу;
- задания для подготовки к семинарам (практическим занятиям) – вопросы для обсуждения и др.;
- задания для текущего контроля успеваемости (задания для самостоятельной работы обучающихся);

— вопросы и задания для подготовки к промежуточной аттестации по итогам изучения дисциплины (модуля).

При проведении занятий лекционного и семинарского типа, в том числе в форме вебинаров и on-line курсов необходимо строго придерживаться учебно-тематического плана дисциплины (модуля), приведенного в разделе 4 данного документа. Необходимо уделить внимание рассмотрению вопросов и заданий, включенных в оценочные задания, при необходимости, решить аналогичные задачи с объяснением алгоритма решения.

Следует обратить внимание обучающихся на то, что для успешной подготовки к текущему контролю успеваемости и промежуточной аттестации нужно изучить литературу, список которой приведен в разделе 7 данной рабочей программы дисциплины (модуля) и иные источники, рекомендованные в подразделах «Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» и «Перечень профессиональных баз данных и информационных справочных систем», необходимых для изучения дисциплины (модуля).

Текущий контроль успеваемости и промежуточная аттестация осуществляются в соответствии с Порядком организации и проведения текущего контроля успеваемости и Порядком проведения промежуточной аттестации обучающихся, устанавливающим формы проведения промежуточной аттестации, ее периодичность и систему оценок, с которыми необходимо ознакомить обучающихся на первом занятии.