

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)

УТВЕРЖДАЮ

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

«31» августа 2020 г.

**Подготовка кадров высшей квалификации
в ординатуре**

**Укрупненная группа специальностей:
31.00.00 Клиническая медицина**

**Специальность:
31.08.30 Генетика**

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ
«БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМА»**

**Блок «Факультативы»
ФТД.2.1 (108 часов, 3 з.е.)**

Москва, 2020

Оглавление

1. Цель и задачи освоения дисциплины «Биоинформатический анализ генома».....	3
1.1. Требования к результатам освоения дисциплины «Биоинформатический анализ генома».....	3
II. Содержание дисциплины по разделам.....	5
III. Учебно-тематический план дисциплины «Биоинформатический анализ генома».....	7
IV. Оценочные средства для контроля качества подготовки по дисциплине «Биоинформатический анализ генома»	7
4.1. Формы контроля и критерии оценивания.....	7
4.2. Примерные задания.....	8
4.2.1. Примерные задания для текущего и рубежного контроля.....	8
4.2.2. Примерные задания для промежуточного контроля.....	8
4.2.3. Виды и задания по самостоятельной работе ординатора(примеры):.....	10
V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины «Биоинформатический анализ генома».....	11
VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины	13

I. Цель и задачи освоения дисциплины «Биоинформатический анализ генома»

Цель дисциплины: приобретение теоретических знаний и практических навыков по основам биоинформатического анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и применению их в профессиональной деятельности врача-генетика.

Задачи дисциплины:

1. Освоение основ биоинформатического анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, в том числе понятий выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, открытой рамки считывания.
2. Изучение молекулярных механизмов патогенности генных мутаций, приобретение практических навыков оценки патогенности мутаций.
3. Освоение баз данных нуклеотидных и аминокислотных последовательностей, агрегаторов баз данных нуклеотидных последовательностей, мутаций и клинических признаков.
4. Освоение методологии анализа результатов секвенирования генов и геномов с использованием высокопроизводительного параллельного секвенирования ДНК.

1.1. Требования к результатам освоения дисциплины

В результате освоения дисциплины «Биоинформатический анализ генома» обучающийся должен:

Врач-ординатор-генетик должен знать:

1. Нормативно-правовую базу в сфере геномных исследований в медицине (медицинской и клинической генетике):
 - Конституцию Российской Федерации; законы и иные нормативные правовые акты Российской Федерации в сфере геномных исследований в медицине (медицинской и клинической генетике), основные требования информационной безопасности – в области генетики;
 - общие вопросы организации генетических служб и лабораторий, правила работы отделов биоинформатики;
 - правила оформления документации при геномных исследованиях в медицине (генетике);
 - методики сбора и получения информации, статистического анализа в области генетики;
2. Общую биоинформатику:
 - основные задачи и методы биоинформатики;
 - понятие референсного генома;
 - понятие о гомо- и гетерополимерных биологических макромолекулах;
 - выравнивание и сравнение последовательностей как основные операции в биоинформатическом анализе последовательностей биологических макромолекул;

- основные электронные медико-биологические базы данных, содержащие информацию о биологических последовательностях;
- понятие мотива как характерной последовательности нуклеотидов, которая имеет существенное биологическое значение;
- основные электронные медико-биологические базы данных, содержащие информацию о генетических вариантах в геноме человека и их фенотипических проявлениях;
- основные математические принципы, алгоритмы, структуры данных, на которых основаны существующие компьютерные программы биоинформатики;
- принципы дизайна олигонуклеотидных последовательностей (праймеров, зондов), используемых при проведении молекулярно-генетического анализа;

3. Молекулярные основы патогенности мутаций:

- определение генетической мутации и генетического полиморфизма, понятие о частых и редких полиморфизмах;
- номенклатуру генных мутаций: буквенные обозначения нуклеотидов геномной ДНК, кДНК, РНК, митохондриальной ДНК, аминокислот белка; нумерацию нуклеотидов в молекуле ДНК, обозначение кодирующих и некодирующих участков ДНК, номенклатуру мутаций сайтов сплайсинга, номенклатуру инсерций и делеций, однонуклеотидных замен;
- особенности записи мутационного изменения на уровне белкового продукта;
- современные методы молекулярно-генетической диагностики основных врождённых, наследственных и наследственно обусловленных нозологических форм и патологических состояний;
- методы определения первичной структуры молекул нуклеиновых кислот;
- вырожденность генетического кода и синонимичные замены нуклеотидов, механизмы патогенности синонимичных замен;
- влияние миссенс, нонсенс, синонимичных генных мутаций, инсерций/делеций на количество и структуру белкового продукта;
- понятие эволюционной консервативности участков генома;
- использование данных структурного анализа белка для предсказания функциональной значимости миссенс-мутаций;
- Использование матриц частот замен аминокислот в эволюции PAM и BLOSUM для оценки возможной патогенности миссенс-мутаций;
- основные компьютерные средства визуализации и анализа нуклеотидных последовательностей, получаемых в результате секвенирования ДНК.

Врач-ординатор-генетик должен уметь:

- пользоваться электронными медико-биологическими базами данных, содержащими информацию о биологических последовательностях;
- пользоваться стандартными компьютерными средствами визуализации и анализа нуклеотидных последовательностей, получаемых в результате секвенирования ДНК (Chromas, Integrative Genome Viewer, UCSC Genome Browser);
- пользоваться базами данных, содержащими информацию о генетических вариантах в геноме человека и их фенотипических проявлениях;
- проводить оценку результатов молекулярно-генетического обследования пациента с наследственной (предположительно наследственной) патологией;
- работать с биоинформатическими серверами (NCBI, EBI, UCSC и др.).

Врач-ординатор-генетик должен владеть:

- навыками по анализу биоинформатических баз данных для решения конкретных задач;
- навыками работы с современным программным обеспечением, предназначенным, в частности, для анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и аннотации генетических вариантов;
- навыками работы с программным обеспечением и информационными ресурсами для работы с базами данных и обеспечения доступа к их записям.

II. Содержание дисциплины « Биоинформатический анализ генома »

Индекс	Наименование дисциплины, разделов
ФТД	Факультативы
ФТД.2.1	Биоинформатический анализ генома
Раздел 1.	Общая биоинформатика
Раздел 2.	Молекулярные основы патогенности мутаций

Раздел 1. ОБЩАЯ БИОИНФОРМАТИКА.

1. Основные задачи и методы биоинформатики.

- 1.1. Биоинформатика как наука. История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы.
- 1.2. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика.
- 1.3. Специфика работы с биологическими данными. Виды биологических последовательностей. Гомо- и гетерополимерные биологические макромолекулы.
- 1.4. Биоинформатические базы данных. Основы поиска записей, их использование в практической работе. Геномные браузеры. Основные научные проекты - генераторы молекулярно биологических данных.
- 1.5. Референсный геном.
- 1.6. Введение в базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, и др., основа формирования данных, типы данных для описания объектов (последовательностей ДНК, белков, данные microarray экспериментов) в базах данных, структура записей в файлах, форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных.
- 1.7. Основные электронные медико-биологические базы данных, содержащие информацию о биологических последовательностях: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, UniGene); EMBL, UniProt, PDB, KEGG.
- 1.8. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
- 1.9. Базы данных по низкомолекулярным соединениям и лекарствам (PubChem, ChEMBL, DrugBank, ClinicalTrials.gov).
- 1.10. Принципы дизайна олигонуклеотидных последовательностей (праймеров, зондов), используемых при проведении молекулярно-генетического анализа.

2. Парное выравнивание.

- 2.1. Выравнивание и сравнение последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий.

2.2. Парное выравнивание. Fasta, BLAST(Basic Local Alignment Search Tool) Принципы выравнивания последовательностей. Расчёт оценки выравнивания (Score).

2.3. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги.

2.4. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана). Fasta. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST.

3. Анализ результатов секвенирования ДНК.

3.1. Стандартные компьютерные средства визуализации и анализа нуклеотидных последовательностей, получаемых в результате секвенирования ДНК (Chromas, Integrative Genome Viewer, UCSC Genome Browser);

3.2. Принципы работы с результатами высокопроизводительного параллельного секвенирования ДНК. Сборка геномов.

3.3. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования.

3.4. Принципы поиска экзонов и интронов. Поиск ORF (открытых рамок считывания).

Раздел 2. МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ОСНОВЫ ПАТОГЕННОСТИ МУТАЦИЙ.

1. Мутации. Классификация и номенклатура.

1.1. Определение генетической мутации и генетического полиморфизма, понятие о частых и редких полиморфизмах. Влияние средовых факторов на характер проявления фенотипического эффекта мутации.

1.2. Классификация мутаций.

1.3. Номенклатура генных мутаций: буквенные обозначения нуклеотидов геномной ДНК, кДНК, РНК, митохондриальной ДНК, аминокислот белка; нумерацию нуклеотидов в молекуле ДНК, обозначение кодирующих и некодирующих участков ДНК, номенклатуру мутаций сайтов сплайсинга, номенклатуру инсерций и делеций, однонуклеотидных замен.

1.4. Особенности записи мутационного изменения на уровне белкового продукта.

2. Методы детекции мутаций и определения их патогенности.

2.1. Современные методы молекулярно-генетической диагностики основных врождённых, наследственных и наследственно обусловленных нозологических форм и патологических состояний.

2.2. Методы определения первичной структуры молекул нуклеиновых кислот.

2.3. Вырожденность генетического кода и синонимичные замены нуклеотидов, механизмы патогенности синонимичных замен.

2.4. Влияние миссенс, нонсенс, синонимичных генных мутаций, инсерций/делеций на количество и структуру белкового продукта. Деградация мРНК как результат нонсенс-мутации. Зависимость эффекта нонсенс-мутации от расположения в гене относительно его 3'-конца.

2.5. Понятие эволюционной консервативности участков генома. Использование анализа консервативности для оценки патогенности миссенс-мутаций.

2.6. Использование данных структурного анализа белка для предсказания функциональной значимости миссенс-мутаций.

2.7. Использование матриц частот замен аминокислот в эволюции PAM и BLOSUM для оценки возможной патогенности миссенс-мутаций.

III. Учебно-тематический план дисциплины «Биоинформатический анализ генома»

Индекс	Наименование дисциплин, разделов, тем и т.д.	ЗЕТ	Количество часов					Форма контроля
			Всего	Ауд.	Л	Пр	Ср	
ФТД.2.1	Биоинформатический анализ генома	3	108	54	18	36	54	Зачёт
Раздел 1.	Общая биоинформатика		68	34	12	22	34	
1.1.	Основные задачи биоинформатики		10	6	4	2	4	
1.2.	Парное выравнивание.		30	14	4	10	16	
1.3.	Анализ результатов секвенирования ДНК		28	14	4	10	14	
Раздел 2.	Молекулярные основы патогенности мутаций		40	20	6	14	20	
2.1	Мутации: классификация и номенклатура		10	6	2	4	4	
2.2	Методы детекции мутаций и определение их патогенности.		30	14	4	10	16	

IV. Оценочные средства для контроля качества подготовки по дисциплине «Биоинформатический анализ генома»

4.1. Формы контроля и критерии оценивания

- **текущий контроль** проводится по итогам освоения каждой темы раздела учебно-тематического плана в виде устного собеседования и/или решения задачи, защиты реферата..

- **промежуточный контроль** знаний и умений ординаторов проводится в форме зачёта после освоения дисциплины

Обучающимся ординаторам предлагается дать ответы на 30 заданий в тестовой форме или билет, включающий три контрольных вопроса.

Критерии оценки результатов контроля:

Результаты тестирования оцениваются по пятибальной системе:

«Отлично» - 90-100 % правильных ответов;

«Хорошо» - 80-89 % правильных ответов;

«Удовлетворительно» - 71-79 % правильных ответов;

«Неудовлетворительно» - 70% и менее правильных ответов.

Результаты собеседования оцениваются:

- **«Зачтено»** – клинический ординатор подробно отвечает на теоретические вопросы, решает предложенную ситуационную задачу.

- **«Не зачтено»** – не владеет теоретическим материалом и допускает грубые ошибки, не решает предложенную ситуационную задачу.

Ординатор считается аттестованным при наличии положительной оценки на вариант тестового задания (30 вопросов) или оценки «зачтено» за собеседование по билету.

4.2. Примерные задания

4.2.1. Примерные задания для текущего контроля

Примерные темы рефератов:

1. Биоинформатика как наука. История возникновения биоинформатики как науки. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы.
2. Выравнивание и сравнение последовательностей. Цели и типы выравниваний. Методы изучения подобий.
3. Методы парного выравнивания (алгоритм Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана).

Примеры вопросов для текущего контроля:

1. Дайте сравнительную характеристику основных научных проектов - генераторов молекулярно-биологических данных.
2. Приведите принципы дизайна олигонуклеотидных последовательностей (праймеров, зондов), используемых при проведении молекулярно-генетического анализа.
3. Дайте сравнительную характеристику парного выравнивания (алгоритм Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана).
4. Охарактеризуйте стандартные компьютерные средства визуализации и анализа нуклеотидных последовательностей, получаемых в результате секвенирования ДНК (Chromas, Integrative Genome Viewer, UCSC Genome Browser)

Примеры ситуационных задач:

- 2.1. Ген ABCA4, мутации которого ассоциированы с аутосомно-рецессивной формой болезни Штаргардта, содержит 50 экзонов. Полное секвенирование гена выявило у пациента наличие двух генетических вариантов: p.L1126H в 23-м экзоне (мутация описана в литературе как патогенная) и p.Q876X в 17-м экзоне. Можно ли считать совокупность перечисленных находок молекулярно-генетическим подтверждением клинически установленной болезни Штаргардта у этого пациента?
- 2.2. У больной раком яичника при полном секвенировании генов BRCA1 и BRCA2 выявлены следующие генетические варианты: p.G1706R в 17-м экзоне гена BRCA1 и p.K3326X в 27-м экзоне гена BRCA2. Какой из этих вариантов является наиболее вероятной причиной заболевания? Рак яичника с мутациями генов BRCA1 и BRCA2 наследуется по аутосомно-доминантному типу. Ген BRCA1 содержит 23 экзона, ген BRCA2 содержит 27 экзонов.

4.2.2. Примерные задания для промежуточного контроля (аттестации)

Пример тестового задания

1. Какой из перечисленных интернет-ресурсов является интегратором баз данных мутаций?
 - а. HGMD

- b. UCSC Genome Browser
 - c. OMIM
 - d. LOVD
- 2. Наличие конкретного генетического варианта в базе данных мутаций автоматически означает, что этот вариант
 - a. Однозначно патогенный
 - b. Однозначно непатогенный
 - c. Скорее патогенный, чем нет
 - d. Ничего из перечисленного
- 3. Миссенс-мутации
 - a. Иногда патогенны
 - b. Всегда патогенны
 - c. Никогда не патогенны
 - d. У человека не обнаруживаются
- 4. Для выявления мозаичных мутаций следует использовать
 - a. Секвенирование ДНК по Сэнгеру
 - b. Высокопроизводительное параллельное секвенирование ДНК
 - c. MLPA
 - d. Микросателлитный анализ
- 5. Отсутствие у пробанда аллеля одного из родителей может свидетельствовать о
 - a. Делеции
 - b. Однородительской дисомии
 - c. Ложном отцовстве
 - d. Развитии из донорской яйцеклетки
 - e. Любом из перечисленных событий
- 6. Референсный геном человека
 - a. Последовательность ДНК генома Джеймса Крика.
 - b. Последовательность ДНК генома Крейга Вентера.
 - c. Последовательность ДНК генома Фредерика Сэнгера.
 - d. Последовательность ДНК – репрезентативный пример генетического кода биологического вида человека.
 - e. Последовательность ДНК генома всех людей на планете Земля.
- 7. Характерная последовательность нуклеотидов, которая имеет существенное биологическое значение
 - a. Промотор
 - b. Мотив
 - c. Сплайсинг
 - d. Тандемный повтор
 - e. Интрон
- 8. Вырожденностью генетического кода обусловлены
 - a. Мутации
 - b. Синонимичные замены
 - c. Инсерции
 - d. Транслокации
- 9. Преждевременный стоп-кодон
 - a. Последствие мутации сдвига рамки считывания

- b. Приводит к замене аминокислоты
 - c. Ускоряет транскрипцию
 - d. Замедляет процесс старения
 - e. Причина болезни экспансии повторяющихся последовательностей ДНК
10. В номенклатуре обозначения мутаций, замена глицина (G - кодон GGC) на валин (V - кодон GTC) во второй аминокислоте полипептида обозначается
- a. c.5G>T (p.G2V)
 - b. c.4T>G
 - c. c.3+2G>T
 - d. c.4_invt
 - e. c.5G

Примеры формирования билета для промежуточной аттестации:

Билет №1

1. Дайте сравнительную характеристику основных научных проектов - генераторов молекулярно-биологических данных.
2. Основные принципы дизайна олигонуклеотидных последовательностей, используемых при проведении молекулярно-генетического анализа.
3. У больной раком яичника при полном секвенировании генов BRCA1 и BRCA2 выявлены следующие генетические варианты: p.G1706R в 17-м экзоне гена BRCA1 и p.K3326X в 27-м экзоне гена BRCA2. Какой из этих вариантов является наиболее вероятной причиной заболевания? Рак яичника с мутациями генов BRCA1 и BRCA2 наследуется по аутосомно-доминантному типу. Ген BRCA1 содержит 23 экзона, ген BRCA2 содержит 27 экзонов.

Билет №2

1. Биоинформатика
2. Оценка патогенности мутаций: критерии.
3. У пробанда с болезнью Штаргардта выявлены три генетических варианта в гене ABCA4, мутации которого ассоциированы с аутосомно-рецессивной формой болезни Штаргардта: p.A1038V, p.L541P, p.S404X. Родители и младший брат пробанда здоровы. Предположите прогноз возникновения заболевания у брата пробанда. Распишите наиболее вероятные генотипы родителей.

4.2.3. Виды и задания по самостоятельной работе ординатора(примеры)

1. Решение ситуационных задач по оценке патогенности мутаций, определению. Гетерозиготности и др.
2. Работа с биоинформатическими базами данных.
3. Подготовка реферата.

Контрольно-измерительные материалы для контроля качества подготовки (текущий контроль успеваемости, промежуточная аттестация по итогам освоения дисциплины и задания для самостоятельной работы) представлены в **Приложение № 1 «Фонд оценочных средств по дисциплине «Биоинформатический анализ генома».**

V. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины «Биоинформатический анализ генома»

Основная литература

1. Мутовин, Г. Р. Клиническая генетика : геномика и протеомика наследственной патологии : [учеб. пособие для вузов] / Г. Р. Мутовин. - 3-е изд., перераб. и доп. – М. : ГЭОТАР-Медиа, 2010.
2. Мутовин, Г. Р. Клиническая генетика [Электронный ресурс] : геномика и протеомика наследств. патологии : учеб. пособие / Г. Р. Мутовин. – 3-е изд., перераб. и доп. – Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2010. – 832 с. : ил. - URL : <http://marc.rsmu.ru:8020/marcweb2/Default.asp>.
3. Бочков, Н. П. Клиническая генетика [Электронный ресурс] : [учеб. для высш. проф. образования] / Н. П. Бочков, В. П. Пузырев, С. А. Смирнихина ; под ред. Н. П. Бочкова. – 4-е изд., доп. и перераб. – Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2013. – 582 с. : ил. - URL : <http://marc.rsmu.ru:8020/marcweb2/Default.asp>.
4. Наследственные болезни [Электронный ресурс] : нац. рук. / [Алексеев Л. П. и др.] ; гл. ред. Н. П. Бочков [и др.]. – Москва : ГЭОТАР-Медиа, 2012. – 964 с. : ил. - URL : <http://marc.rsmu.ru:8020/marcweb2/Default.asp>.
5. Льюин, Б. Гены [Текст] : пер. : И. А. Кофиади и др. / под ред. Д. В. Ребрикова. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2012. - 896 с. : ил. - (Лучший зарубежный учебник). - Пер. 9-го англ. изд. - Пер. изд.: Genes IX / B. Lewin. Boston etc. : Jones and Bartlett publ.
6. Молекулярная биология клетки [Текст] : с задачами Д. Уилсона и Т. Ханта : [в 3 т.] : пер с англ. - Москва ; Ижевск : Ин-т компьютер. исслед. : Регуляр. и хаот. динамика, 2013. - Пер. изд.: Molecular biology of the cell : ref. ed. / B. Alberts et al. - 5th ed. - (Garland Science : Taylor & Francis Group). - Сплош. паг. Т. 1 / под ред. А. А. Миронова, Л. В. Мочаловой / пер. с англ. А. А. Светлова, О. В. Карловой. - 2013.
7. Молекулярная биология клетки [Текст] : с задачами Д. Уилсона и Т. Ханта : [в 3 т.] : пер с англ. - Москва ; Ижевск : Ин-т компьютер. исслед. : Регуляр. и хаот. динамика, 2013. - Пер. изд.: Molecular biology of the cell : ref. ed. / B. Alberts et al. - 5th ed. - (Garland Science : Taylor & Francis Group). - Сплош. паг. Т. 2 / под ред. Е. Н. Богачевой, И. Н. Шатского / пер. с англ. А. А. Дьяконовой, А. В. Дюбы. - 2013.
8. Молекулярная биология клетки [Текст] : с задачами Д. Уилсона и Т. Ханта : [в 3 т.] : пер с англ. - Москва ; Ижевск : Ин-т компьютер. исслед. : Регуляр. и хаот. динамика, 2013. - Пер. изд.: Molecular biology of the cell : ref. ed. / B. Alberts et al. - 5th ed. - (Garland Science : Taylor & Francis Group). - Сплош. паг. Т. 3 / под ред. Е. С. Шиловой и др. / пер. с англ. А. Н. Дьяконова и др. - 2013.

Дополнительная литература:

1. Лима-де-Фариа, А. Похвала "глупости" хромосомы [Текст] : исповедь непокорной молекулы : пер. с англ. А. А. Быстрицкого / под ред. С. В. Разина. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2011. - 312 с. : ил. - Пер. изд.: Praise of Chromosome "Folly" : Confessions of an Untamed Molecular Structure / A. Lima-de-Faria. New Jersey etc., World Scientific.
2. Фролов, И. Т. Философия и история генетики : поиски и дискуссии / И. Т. Фролов. - 2-е изд., стер. - М. : КомКнига, 2007.

3. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Текст] : пер. с англ. / ред. : К. Уилсон, Дж. Уолкер ; пер. с англ. Т. П. Мосоловой, Е. Ю. Бозелек-Решетняк ; под ред. А. В. Левашова, В. И. Тишкова. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2012. - Пер. изд. : Principles and Techniques of Biochemistry and Molecular Biology / ed. by K. Wilson and J. Walker. - 6th ed. (Cambridge Univ. Press).

4. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Электронный ресурс] : пер. с англ. / под ред. К. Уилсон, Дж. Уолкер. – 2-е изд. (эл.). – Москва: БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. – 855 с. – (Методы в биологии). – URL : <http://marc.rsmu.ru:8020/marcweb2/Default.asp>.

5. Нуклеиновые кислоты от А до Я [Текст] / под ред. С. Мюллер ; пер. с англ. А. А. Синюшина, Ю. В. Киселевой ; [Б. Аппель, Б. И. Бенеке, Я. Бененсон и др.]. - Москва : Бином. Лаборатория знаний, 2012.

6. Коничев, А. С. Молекулярная биология [Текст] : [учеб. для высш. проф. образования]. – 4-е изд., перераб. и доп. – Москва : Академия, 2012.

7. Спирин, А. С. Молекулярная биология [Текст] : рибосомы и биосинтез белка : [учеб. для вузов]. – Москва : Академия, 2011.

8. Леск, А. М. Введение в биоинформатику [Текст] : [учебник для вузов] / А. Леск ; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядоса. - 2-е изд. - Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. - 318 с.

Информационное обеспечение:

1. ЭБС РНИМУ им. Н.И. Пирогова – неограниченное количество доступов, 100 % обучающихся.

2. ЭБС «Консультант студента» - неограниченное количество доступов, 100 % обучающихся.

3. ЭБС «Издательство Лань» – неограниченное количество доступов, 100 % обучающихся.

4. ЭБС «Юрайт» – неограниченное количество доступов, 100 % обучающихся.

5. ЭБС «Айбукс» – неограниченное количество доступов, 100 % обучающихся.

6. ЭБС «Букап» – неограниченное количество доступов, 100% обучающихся.

7. Журналы издательства Taylor & Francis – доступ из внутренней сети вуза.

8. База данных отечественных и зарубежных публикаций Polpred.com Обзор СМИ – доступ из внутренней сети вуза.

9. Аналитическая и реферативная зарубежная база данных Scopus – доступ из внутренней сети вуза.

10. Аналитическая и цитатная зарубежная база данных журнальных статей Web of Science Core – доступ из внутренней сети вуза.

11. Справочная Правовая Система КонсультантПлюс – доступ из внутренней сети вуза.

VI. Материально-техническое обеспечение дисциплины «Биоинформатический анализ генома»

Оборудование для лекционных демонстраций.

Для чтения лекций имеются мультимедиа-проектор, компьютер персональный, ноутбук, стационарный экран, акустическое оборудование, наборы тематических слайдов, таблиц и видеофильмов.

Оборудование для проведения семинаров и практических занятий.

Для проведения семинаров и практических занятий используются учебные аудитории, укомплектованные специализированной мебелью (учебные столы), мультимедиа-проекторами, переносными экранами, персональными компьютерами с мониторами, ноутбуками, наборами демонстрационных таблиц, слайдов и видеозаписей.

Оборудование для самостоятельной работы.

Методический кабинет оборудован персональным компьютером, роутером для выхода в интернет, многофункциональным устройством (принтер, копир), специализированной мебелью (учебные столы), книжными шкафами, библиотекой из книг по медицинской генетике и смежным дисциплинам, записями учебных видеофильмов по диагностике и лечению генетических заболеваний, компьютерными обучающими программами.

Перечень программного обеспечения:

- MICROSOFT WINDOWS 7, 10;
- OFFICE 2010, 2013;
- Антивирус Касперского (Kaspersky Endpoint Security);
- ADOBE CC;
- Photoshop;
- Консультант плюс (справочно-правовая система);
- iSpring;
- ZOOM;
- Adobe Reader;
- Adobe Flash Player;
- Google Chrom, Mozilla Firefox, Mozilla Public License;
- 7-Zip;
- FastStone Image Viewer.