

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«Приволжский исследовательский медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации



РАБОЧАЯ ПРОГРАММА

Название дисциплины: «БИОИНФОРМАТИКА В МЕДИЦИНЕ»

Направление подготовки (специальность): 31.05.01 ЛЕЧЕБНОЕ ДЕЛО

Квалификация (степень) выпускника: ВРАЧ-ЛЕЧЕБНИК

Факультет: ЛЕЧЕБНЫЙ

Кафедра: МЕДИЦИНСКОЙ ФИЗИКИ И ИНФОРМАТИКИ

Форма обучения: ОЧНАЯ

2020

Рабочая программа разработана в соответствии с ФГОС ВО по специальности «Лечебное дело – 31.05.01», утвержденным приказом Министерства образования и науки Российской Федерации № 95 от 09 февраля 2016 г.

Разработчики рабочей программы:

Иудин Д.И. - заведующий кафедрой медицинской физики и информатики, д.ф.-м.н., д.б.н., профессор;

Малиновская С.Л. - доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры медицинской физики и информатики.

Рецензенты:

А.С. Корягин - д.м.н., профессор, заведующий кафедрой биохимии и биотехнологии Института биологии и биомедицины Федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Национальный исследовательский Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского»;

Л.В. Ловцова. - д.м.н., профессор, заведующий кафедрой общей и клинической фармакологии ФГБОУ ВО «Приволжский исследовательский медицинский университет» Минздрава России.

Программа рассмотрена и одобрена на заседании кафедры медицинской физики и информатики 19.08.2020 г. (протокол № 1)

Заведующий кафедрой медицинской физики и информатики, д.ф.-м.н., д.б.н., профессор


(подпись)

/ Иудин Д.И. /

СОГЛАСОВАНО

Председатель цикловой методической комиссии по естественно - научным дисциплинам (протокол № 1 от «28 августа» 2020 г.) профессор, д.б.н., доцент


(подпись)

/Малиновская С.Л./

«28» 08.2020 г.

СОГЛАСОВАНО

Заместитель начальника УМУ


(подпись)

/ Василькова А.С. /

«28» 08.2020 г.

1. Цели и задачи освоения дисциплины «Биоинформатика в медицине»

1.1 Цель освоения дисциплины «Биоинформатика в медицине» (далее – дисциплина): участие в формировании компетенций ОК-1.

1.2. Задачи дисциплины:

- формирование у студентов способности осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий, умения делать выводы на основании полученных результатов;
- обучить студентов с медицинским образованием методам биоинформатики и дать представление о связи между вычислительной и экспериментальной медициной и биологией;
- развитие способности использовать современные информационные технологии при решении задач профессиональной деятельности, соблюдая требования информационной безопасности;
- изучение содержательных основ предмета исследований, понятийного аппарата и методологической базы биоинформатики и системной компьютерной биологии, а также информационных технологий используемых в биоинформатике.

В результате освоения дисциплины студент должен:

Знать:

- основные термины и понятия биоинформатики, современные концепции биоинформатики;
- объекты изучения биоинформатики;
- методы исследования медико-биологических последовательностей, их описания, предсказания структуры и функций;
- технические и программные средства реализации информационных технологий;
- основы работы в локальных и глобальных сетях; особенности, возможности и ограничения специализированных баз данных и специфику работы с ними.

Уметь:

- находить, анализировать, обобщать и систематизировать научные данные, полученные в ходе биологических, химических и физических экспериментов, для постановки целей исследования и выбора оптимальных путей и методов их достижения;
- подбирать необходимые и оптимальные условия проведения научного анализа в зависимости от специфики поставленной задачи с применением методов биоинформатики;
- использовать стандартные и специализированные пакеты прикладных компьютерных программ для решения практических задач биоинформатики.

Владеть:

- методологией абстрактного мышления для выполнения заключения о результатах измерений физических характеристик биологических объектов и математической обработки полученных данных, глубокого понимания процесса исследования в современной биологии: от планирования эксперимента до анализа экспериментальных данных, их интерпретации и формирования проверяемых биологических гипотез.
- навыками использования программных средств и работы в компьютерных сетях, использования ресурсов Интернета применительно к биологическим объектам;
- выпускники программы будут иметь глубокое понимание процесса исследования в современной биологии: от планирования эксперимента до анализа экспериментальных данных, их интерпретации и формирования проверяемых биологических гипотез.

➤ методами проведения необходимых этапов статистического и сравнительного анализа, компьютерной обработки, диагностики, моделирования биологических последовательностей методик биоинформационного анализа, направленных на охрану здоровья граждан.

2. Место дисциплины в структуре ООП ВО организации:

2.1. Дисциплина «Биоинформатика в медицине» относится к дисциплинам по выбору ООП ВО. Дисциплина изучается в 3-ем семестре.

2.2. Для изучения дисциплины необходимы знания, умения и навыки, формируемые предшествующими дисциплинами:

- физики;
- математики;
- биологии, основам генетической и клеточной инженерии;
- медицинской информатики;
- химии;
- биологической химии.

2.3. Изучение дисциплины необходимо для знаний, умений и навыков, формируемых последующими дисциплинами профессионального цикла: физиология, биохимия, микробиология и вирусология, гигиена, общественное здоровье, лучевая диагностика и лучевая терапия.

3. Результаты освоения дисциплины и индикаторы достижения компетенций:

Изучение дисциплины направлено на формирование у обучающихся следующих универсальных (УК), общепрофессиональных (ОПК) и профессиональных (ПК) компетенций:

п/№	Код компетенции	Содержание компетенции (или ее части)	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
			Знать	Уметь	Владеть
1.	ОК-1	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий	методы системного критического анализа; методики разработки стратегии действий для выявления и решения проблемной ситуации	применять методы системного подхода и критического анализа проблемных ситуаций; разрабатывать стратегию действий, принимать конкретные решения для ее реализации	методологией системного и критического анализа проблемных ситуаций; методиками постановки цели, определения способов ее достижения, разработки стратегий действий.

* Индикатор достижения компетенции – совокупность запланированных результатов обучения по дисциплинам (модулям) и практикам, которые обеспечивают формирование у выпускника всех компетенций, установленных программой специалитета.

Это обобщенные характеристики, уточняющие и раскрывающие формулировку компетенции в виде конкретных действий, выполняемых выпускником, освоившим данную компетенцию. Индикаторы должны быть сопоставимы с трудовыми функциями и (или) трудовыми действиями (профессиональный стандарт), но не равны им. Индикаторы достижения компетенций должны быть измеряемы с помощью средств, доступных в образовательном процессе.

4. Разделы дисциплины и компетенции, которые формируются при их изучении:

№ п/п	Код компетенций	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела в дидактических единицах
1	ОК-1	Введение в биоинформатику. Основные поднятия	Биоинформатика как наука. Кибернетика, ее история и связь с биоинформатикой. Развитие биоинформатики в наше время.

		математической статистики в биологии и медицине.	Предмет изучения биоинформатики. Связь с другими биологическими науками. Использование биоинформатики в биологии и медицине.
2	ОК-1	Омные науки - основные понятия и методы	Геномика, основное представление, современные методы геномики: ПЦР, генотипирование, SNP, SAGE, NGS Протеомика, основное представление, современные методы протеомики: 2D-PAGE электрофорез, вестерн-блоттинг, масс-спектрометрия Метаболомика, и ее основной метод - масс-спектрометрия Транскриптомика
3	ОК-1	Протеомика	Белки: структура, функции, методы анализа и определения белков. Программное обеспечение и базы данных: BLAST - Basic Local Alignment Search Tool — средство поиска основного локального выравнивания) — семейство компьютерных программ, служащих для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот, для которых известна первичная структура (последовательность) или её фрагмент. UniProt - База данных последовательностей белков. HMMER - используется для поиска в базах данных гомологов последовательностей и для выравнивания последовательностей аминокислот. Реализует методы с использованием вероятностных моделей, называемых профильными скрытыми марковскими моделями. Expression Atlas - база данных, которая предоставляет информацию о паттернах экспрессии генов.
4	ОК-1	Белковые модификации и методы их изучения	Молекулярные методы исследования: вестерн-блоттинг, электрофорез, иммунохимия, масс-спектрометрия. PRIDE - PRoteomics IDEntifications - то централизованное, совместимое со стандартами хранилище общедоступных данных для данных протеомики, включая идентификацию белков и пептидов, посттрансляционные модификации и поддержку спектральных данных. Практикум. Mascot (Matrix Science) - ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков с использованием данных масс-спектрометрии.
5	ОК-1	Возможности предсказания и расчета структуры белка	Современные методы. Межбелковые и межмолекулярные взаимодействия – биологическая роль. InterAct - IntAct Molecular Interaction Database - представляет свободно доступную систему баз данных с открытым исходным кодом и инструменты анализа данных молекулярного взаимодействия. Все взаимодействия основаны на литературном кураторстве или прямых представлениях пользователей и свободно доступны. Reactome - база данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая. BioGrid - The Biological General Repository for Interaction Datasets - курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий, генетических взаимодействий, химических взаимодействий и пост-трансляционных модификаций.
6	ОК-1	Математическое моделирование – основные понятия.	Типы математических моделей, используемые в медицине и биологии. Моделирование в протеомике. BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес.
7	ОК-1	Метаболомика	MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кроссплатформенных метаболомных исследований и база

			<p>знаний о свойствах отдельных метаболитов. Транскриптомика как наука, ее значение для современной медицины. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий. Cytoscape - Network Data Integration, Analysis, and Visualization in a Box – биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом, предназначенная для визуализации сетей молекулярных взаимодействий и биологических путей с возможностью использования дополнительных данных, таких как функциональная аннотация, информация об уровне экспрессии</p>
--	--	--	--

5. Объем дисциплины и виды учебной работы.

Вид учебной работы	Трудоемкость		Трудоемкость по семестрам (АЧ)
	объем в зачетных единицах (ЗЕ)	объем в академических часах (АЧ)	
Аудиторная работа, в том числе	1,2	44	44
Лекции (Л)	0,3	10	10
Лабораторные практикумы (ЛП)	<i>ФГОС не предусмотрены</i>		
Практические занятия (ПЗ)	0,9	34	34
Клинические практические занятия (КПЗ)	<i>ФГОС не предусмотрены</i>		
Семинары (С)	<i>ФГОС не предусмотрены</i>		
Самостоятельная работа студента (СРС)	0,8	28	28
Научно-исследовательская работа студента	<i>ФГОС не предусмотрены</i>		
Промежуточная аттестация: зачет			
ОБЩАЯ ТРУДОЕМКОСТЬ	2	72	72

6. Содержание дисциплины

6.1. Разделы дисциплины и виды занятий:

№ п/п	№ семестра	Наименование раздела дисциплины	Виды учебной работы (в АЧ)*						
			Л	ЛП	ПЗ	КЗП	С	СРС	Всего
1.	3	Введение в биоинформатику.	1		3			4	8
2.	3	Омные науки - основные понятия и методы.	1		3			4	8
3.	3	Протеомика.	1		6			4	11
4.	3	Белковые модификации и методы их изучения.	1		6			4	11
5.	3	Возможности предсказания и расчета структуры белка	2		6			4	12
6.	3	Математическое моделирование – основные понятия.	2		6			4	12

7.	3	Метаболомика	2	4		4	10
		ИТОГО	10	34		28	72

* - Л – лекции; ЛП – лабораторный практикум; ПЗ – практические занятия; С – семинары; СРС – самостоятельная работа студента.

6.2 Тематический план лекций:

№ п/п	Наименование темы и содержание	Объем в АЧ	
		Семестр 3	Семестр 4
1	Введение в биоинформатику. Биоинформатика как наука. Кибернетика, ее история и связь с биоинформатикой. Развитие биоинформатики в наше время. Предмет изучения биоинформатики. Связь с другими биологическими науками. Использование биоинформатики в биологии и медицине.	1	
2	Омные науки Основные понятия и методы: геномика, основное представление, современные методы геномики: ПЦР, генотипирование, SNP, SAGE, NGS	1	
3	Протеомика. Основное представление, современные методы протеомики: 2D-PAGE электрофорез, вестерн-блоттинг, масс-спектрометрия. Белки: структура, функции, методы анализа и определения белков.	1	
4	Метаболомика Основной метод - масс-спектрометрия. Основные понятия транскриптомики	1	
5	Белковые модификации и методы их изучения Молекулярные методы исследования: вестерн-блоттинг, электрофорез, иммунохимия, масс-спектрометрия	2	
6	Возможности предсказания и расчета структуры белка Современные методы исследования. Межбелковые и межмолекулярные взаимодействия – биологическая роль.	2	
7	Математическое моделирование. Основные понятия. Типы математических моделей, используемые в медицине и биологии. Моделирование в протеомике.	2	
	ИТОГО	10	

6.3. Тематический план лабораторных практикумов: не предусмотрено ФГОС.

6.4. Тематический план практических занятий*:

№ п/п	Темы практических занятий	Объем в АЧ
		Семестр 3
1	ПО «Statistica» - практикум по использованию. BLAST - Basic Local Alignment Search Tool — средство поиска основного	3

	локального выравнивания)	
2	UniProt - База данных последовательностей белков. HMMER для поиска в базах данных гомологов последовательностей аминокислот. Expression Atlas.	6
3	PRIDE - PRoteomics IDentifications. Mascot (Matrix Science) - ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков с использованием данных масс-спектрометрии	9
4	InterAct - IntAct Molecular Interaction Database. Reactome - база данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая. BioGrid - The Biological General Repository for Interaction Datasets - курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий	6
5	BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес	6
6	MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кроссплатформенных метаболомных исследований. Cytoscape - Network Data Integration, Analysis, and Visualization in a Box – биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом	4
	ИТОГО (АЧ)	34

6.5 Тематический план семинаров: не предусмотрено ФГОС

6.6. Тематический план семинаров: не предусмотрено ФГОС

6.7. Виды и темы самостоятельной работы студента (СРС):

№ п/п	Виды и темы СРС	Объем в АЧ
		Семестр 3
1	Подготовка к практическим занятиям, выполнение домашнего задания, подготовка к текущему контролю	10
2	Работа с лекционным материалом	6
3	Работа с электронными ресурсами на портале дистанционного образования ПИМУ	4
4	Изучение материала, вынесенного на самостоятельную проработку (отдельные темы, параграфы), работа с литературными источниками	6
5	Подготовка к тестированию, <i>on-line</i> тестирование	2
	ИТОГО	28

**Виды самостоятельной работы: работа с литературными и иными источниками информации по изучаемому разделу, в том числе в интерактивной форме, выполнение заданий (ДЗ), предусмотренных рабочей программой (групповых и (или) индивидуальных) в форме написания рефератов, эссе, подготовки докладов, выступлений; подготовка к участию в занятиях в интерактивной форме (ролевые и деловые игры, тренинги, игровое проектирование, компьютерная симуляция, дискуссии), работа с электронными образовательными ресурсами, размещенными на образовательном портале Университета (СДО), подготовка курсовых работ и т.д.*

6.8. Научно-исследовательская работа студента: не предусмотрено ФГОС

7. Фонд оценочных средств для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации

№ п/п	№ семестр	Формы контроля	Наименование раздела дисциплины	Оценочные средства		
				Виды	Кол-во вопросов в	Кол-во вариантов тестовых заданий

	ра				задании	
1	2	3	4	5	6	7
1	3	Контроль освоения темы	Введение в биоинформатику	Контрольные вопросы	3	10
2	3	Контроль освоения темы	Омные науки - основные понятия и методы	Контрольные вопросы	3	10
3	3	Контроль освоения темы	Протеомика	Контрольные вопросы	3	10
4	3	Контроль освоения темы	Белковые модификации и методы их изучения	Контрольные вопросы	3	10
5	3	Контроль освоения темы	Возможности предсказания и расчета структуры белка	Контрольные вопросы	3	10
6	3	Контроль освоения темы	Математическое моделирование – основные понятия.	Контрольные вопросы	3	10
7	3	Контроль освоения темы	Метаболомика	Контрольные вопросы	3	10
	3	Промежуточная аттестация (зачет)	Все разделы	Тесты	10	Компьютерное тестирование (вариант формируется методом случайной выборки)

Примеры оценочных средств для контроля успеваемости и результатов освоения дисциплины.

Контрольные вопросы к собеседованию:

1. Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты.
2. Базы данных. Электронные библиотечные ресурсы. Биологическая классификация и номенклатура.
3. Интернет. HTML. Поисковые системы.
4. Изучение возможностей Excel (ввод данных, вычисления, формулы). Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.
5. Знакомство с редактором химических формул ChemSketch. Функциональные возможности, создание графических иллюстраций формул сложных органических соединений и химических реакций.
6. PDB. Структура записи PDB. Визуализация, анализ структурных особенностей, моделирование, предсказание вторичной и третичной структуры белков с помощью программы RasMol.
7. Предсказание параметров спирали ДНК.
8. Предсказание и представление вторичной структуры РНК. Минимизация энергии вторичной структуры (динамическое программирование).
9. Основы структур баз данных (записи, поля, объекты). Классификация баз по способу заполнения (автоматические, архивные, курируемые). Основные базы данных: GenBank, EMBL, SwissProt, TrEMBL, PIR, PDB.

10. Базы, содержащие результаты глобальных экспериментов по анализу экспрессии, протеомике, и т.п. Банки белковых семейств (SCOP, Prosite, ProDom, PFAM, InterPro).
11. Метаболические базы данных. Генетические банки (физические карты, OMIM). Специализированные банки данных.
12. Знакомство с семейством программ, служащих для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности. Изучение функциональных особенностей основных групп программ: нуклеотидные (megablast, dmegablast, blastn), белковые (blastp, cdart, rpsblast, psi-blast, phi-blast).
13. Знакомство с семейством программ, служащих для поиска гомологов белков и нуклеиновых кислот по имеющейся первичной последовательности. Изучение функциональных особенностей основных групп программ: транслирующие (blastx, tblastn, tblastx), геномные и специальные (bl2seq, VecScreen).
14. Знакомство с базой знаний по систематическому анализу функций генов. Ознакомление с основными базами данных: метаболических путей (PATHWAY), генов (GENES), лигандов (LIGAND), экспериментальных данных по экспрессии генов (EXPRESSION и BRITE) и белков (SSDB).
15. Сравнение метаболических путей различных организмов и их изменения в ходе эволюции.

Тестовые задания:

1. Ключевыми объектами биоинформатики являются:
 - а. Двигатель внутреннего сгорания;
 - б. Биологические последовательности (аминокислот и нуклеиновых кислот);
 - в. Ультрацентрифуга;
 - г. Окаменелости Юрского периода.

2. Первичная последовательность белков – это:
 - а. Совокупность α -спиралей и β -тяжей одного белка;
 - б. Совокупность белковых глобул;
 - в. Аминокислотная последовательность белка;
 - г. Последовательность нуклеотидов, входящих в состав структурной части гена белка.

3. Rasmol- это
 - а. Компьютерная программа, предназначенная для визуализации молекул и используемая преимущественно для изучения и получения изображений пространственных структур биологических макромолекул;
 - б. Семейство компьютерных программ, служащих для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот, для которых известна первичная структура (последовательность) или её фрагмент;
 - в. Графический редактор химических формул и реакций;
 - г. Программа для работы с электронными таблицами, предоставляющая возможности экономико-статистических расчетов и графические инструменты.

4. GenBank – это:
 - а. База данных последовательностей белков, доступная для всех пользователей;
 - б. База данных по семействам белков;
 - в. База данных, содержащая аннотированные последовательности ДНК и РНК, поддерживаемая Национальным центром биотехнологической информации США и доступная на безвозмездной основе исследователям всего мира;

г. Банк данных 3-D структур белков и нуклеиновых кислот, в котором информация получена методами рентгеновской кристаллографии или ЯМР-спектроскопии.

8. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (печатные, электронные издания, интернет и другие сетевые ресурсы)

8.1. Перечень основной литературы*:

№ п/п	Наименование согласно библиографическим требованиям	Количество экземпляров	
		На кафедре	В библиотеке
1	Зарубина Т.В., Кобринский Б.А. Медицинская информатика. М.: ГЭОТАР Медиа. 2016	-	электронный ресурс http://www.studmedlib.ru/book/ISBN9785970436899.html

8.2. Перечень дополнительной литературы*:

№ п/п	Наименование согласно библиографическим требованиям	Количество экземпляров	
		На кафедре	В библиотеке
1	Гельман В.Я. Медицинская информатика. Практикум. Питер. 2016.	2	2 электрон.ресурс http://www.studmedlib.ru/book/ISBN9785970436899

8.3. Перечень методических рекомендаций для самостоятельной работы студентов:

№ п/п	Наименование согласно библиографическим требованиям	Количество экземпляров	
		на кафедре	в библиотеке
1.	А. Леск. Введение в биоинформатику. Пер. с английского под редакцией А. А. Миронова и В. К. Швядаса. Изд. Бином. Лаборатория знаний, 2009, 318 с.		электрон.ресурс http://www.studmedlib.ru/book/ISBN9785970436899

8.4. Электронные образовательные ресурсы, используемые в процессе преподавания дисциплины:

8.4.1. Внутренняя электронная библиотечная система университета (ВЭБС)*

Наименование электронного ресурса	Краткая характеристика (контент)	Условия доступа	Количество пользователей
Внутренняя электронная библиотечная система (ВЭБС)	Труды профессорско-преподавательского состава академии: учебники и учебные пособия, монографии, сборники научных трудов, научные статьи, диссертации, авторефераты диссертаций, патенты.	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет, по индивидуальному логину и паролю [Электронный ресурс] – Режим доступа: http://95.79.46.206/login.php	Не ограничено

8.4.2. Электронные образовательные ресурсы, приобретаемые университетом

Наименование электронного ресурса	Краткая характеристика (контент)	Условия доступа	Количество пользователей
-----------------------------------	----------------------------------	-----------------	--------------------------

ресурса			
Электронная база данных «Консультант студента»	Учебная литература + дополнительные материалы (аудио-, видео-, интерактивные материалы, тестовые задания) для высшего медицинского и фармацевтического образования. Издания, структурированы по специальностям и дисциплинам в соответствии с действующими ФГОС ВПО.	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет, по индивидуальному логину и паролю [Электронный ресурс] – Режим доступа: http://www.studmedlib.ru/	Общая подписка ПИМУ
Электронная библиотечная система «Букап»	Учебная и научная медицинская литература российских издательств, в т.ч. переводы зарубежных изданий.	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет по логину и паролю, с компьютеров академии. Для чтения доступны издания, на которые оформлена подписка. [Электронный ресурс] – Режим доступа: http://www.books-up.ru/	Общая подписка ПИМУ
«Библиопоиск»	Интегрированный поисковый сервис «единого окна» для электронных каталогов, ЭБС и полнотекстовых баз данных. Результаты единого поиска в демоверсии включают документы из отечественных и зарубежных электронных библиотек и баз данных, доступных университету в рамках подписки, а также из баз данных открытого доступа.	Для ПИМУ открыт доступ к демоверсии поисковой системы «Библиопоиск»: http://bibliosearch.ru/pimu .	Общая подписка ПИМУ
Отечественные электронные периодические издания	Периодические издания медицинской тематики и по вопросам высшей школы	- с компьютеров академии на платформе электронной библиотеки eLIBRARY.RU -журналы изд-ва «Медиафера» -с компьютеров библиотеки или предоставляются библиотекой по заявке пользователя [Электронный ресурс] – Режим доступа: https://elibrary.ru/	
Международная наукометрическая база данных «Web of Science Core Collection»	Web of Science охватывает материалы по естественным, техническим, общественным, гуманитарным наукам; учитывает взаимное цитирование публикаций, разрабатываемых и предоставляемых компанией «Thomson Reuters»; обладает встроенными возможностями поиска, анализа и управления библиографической информацией.	С компьютеров ПИМУ доступ свободный [Электронный ресурс] – Доступ к ресурсу по адресу: http://apps.webofknowledge.com	С компьютеров ПИМУ доступ свободный

8.4.3 Ресурсы открытого доступа

Наименование электронного	Краткая характеристика (контент)	Условия доступа
---------------------------	----------------------------------	-----------------

ресурса		
Федеральная электронная медицинская библиотека (ФЭМБ)	Включает электронные аналоги печатных изданий и оригинальные электронные издания, не имеющие аналогов, зафиксированных на иных носителях (диссертации, авторефераты, книги, журналы и т.д.). [Электронный ресурс] – Режим доступа: http://нэб.рф/	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет
Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU	Крупнейший российский информационный портал в области науки, технологии, медицины и образования, содержащий рефераты и полные тексты научных статей и публикаций. [Электронный ресурс] – Режим доступа: https://elibrary.ru/	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет.
Научная электронная библиотека открытого доступа КиберЛенинка	Полные тексты научных статей с аннотациями, публикуемые в научных журналах России и ближнего зарубежья. [Электронный ресурс] – Режим доступа: https://cyberleninka.ru/	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет
Российская государственная библиотека (РГБ)	Авторефераты, для которых имеются авторские договоры с разрешением на их открытую публикацию [Электронный ресурс] – Режим доступа: http://www.rsl.ru/	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет
Справочно-правовая система «Консультант Плюс»	Федеральное и региональное законодательство, судебная практика, финансовые консультации, комментарии законодательства и др. [Электронный ресурс] – Режим доступа: http://www.consultant.ru/	с любого компьютера, находящегося в сети Интернет

9. Материально-техническое обеспечение дисциплины

9.1. Перечень помещений*, необходимых для проведения аудиторных занятий по дисциплине:

1. Для проведения лекций имеются:

- лекционные аудитории БФК (большой и малый залы);
- лекционная аудитория Морфологического корпуса;
- лекционная аудитория общежития №3;
- лекционная аудитория корпуса №9.

2. Для проведения практических занятий на базе корпуса № 2 (БФК) имеется:

- 4 специально оборудованные помещения (аудитории) для проведения семинаров и практических занятий при изучении дисциплин;
- 4 дисплейных класса.

9.2. Перечень оборудования, необходимого для проведения аудиторных занятий по дисциплине:

№ п/п	Наименование	Назначение	Колич. (шт.)
1	Компьютеры Intel Core I3	Практические занятия	20
2	Ноутбук Lenovo	Чтение лекций	1
3	Мультимедиа проектор Epson EB-X72	Чтение лекций	1

10. Лист изменений в рабочей программе дисциплины «Биоинформатика»

№	Дата внесения	№ протокола заседания	Содержание изменения	Подпись

	изменений	кафедры, дата		
1				
2				