

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

Владимирский филиал ФГБОУ ВО «ПИМУ» Минздрава России



УТВЕРЖДАЮ
Проректор по учебной и
воспитательной работе

Е.С. Богомолова

«29» апреля 2023 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА

Название дисциплины: **БИОИНФОРМАТИКА В МЕДИЦИНЕ**

Направление подготовки (специальность): **31.05.01 ЛЕЧЕБНОЕ ДЕЛО**

Квалификация (степень) выпускника: **ВРАЧ-ЛЕЧЕБНИК**

Факультет: **ЛЕЧЕБНЫЙ**

Кафедра: **МЕДИЦИНСКОЙ БИОФИЗИКИ**

Форма обучения: **ОЧНАЯ**

Трудоемкость дисциплины: **72 АЧ**

Владимир
2023

Рабочая программа разработана в соответствии с ФГОС ВО 3++ по специальности 31.05.01 «ЛЕЧЕБНОЕ ДЕЛО» утвержденным приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от 12 августа 2020 г. № 988.

Разработчики рабочей программы:

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

Малиновская С.Л.- доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры медицинской биофизики.

Программа рассмотрена и одобрена на заседании кафедры медицинской биофизики ПИМУ «18» января 2023 г. (протокол № 4)

Заведующий кафедрой медицинской биофизики,
д.ф.-м.н., д.б.н., профессор

(подпись)

/ Д.И. Иудин /

«18» января 2023 г.

СОГЛАСОВАНО
Начальник УМУ

(подпись)

/О.М. Московцева/

«19» января 2023 г.

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

Цель освоения дисциплины: участие в формировании компетенций:

УК-1 состоящее в формировании у студентов способности осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий.

Задачи дисциплины:

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 относится к **элективным дисциплинам части, формируемой участниками образовательных отношений Блока 1 (Б1.УОО.Э.1) ООП ВО, изучается в 3 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) компетенций:

п/№	Код компетенции	Содержание компетенции (или ее части)	Код и наименование индикатора достижения компетенции	В результате изучения дисциплины обучающиеся должны:		
				Знать	Уметь	Владеть
1.	УК-1	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий	<u>ИД-1УК-1.1.</u> Знает: методы критического анализа и оценки современных научных достижений; основные принципы критического анализа. <u>ИД-2УК-1.2.</u> Умеет: получать новые знания на основе анализа, синтеза и др.; осуществлять поиск информации и решений на основе действий, эксперимента и опыта.	методы системного и 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.

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

№ п/п	Код компетенций	Наименование раздела дисциплины	Содержание раздела в дидактических единицах
1	УК-1	Введение в биоинформатику. Основные понятия математической статистики в биологии и медицине.	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.
2	УК-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	УК-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) —

			<p>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.</p> <p>UniProt - База данных последовательностей белков.</p> <p>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.</p> <p>Expression Atlas - база данных, которая предоставляет информацию о паттернах экспрессии генов.</p>
4	УК-1	Белковые модификации и методы их изучения	<p>Молекулярные методы исследования: вестерн-блоттинг, электрофорез, иммунохимия, масс-спектрометрия.</p> <p>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.</p> <p>Mascot (Matrix Science) - ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков с использованием данных масс-спектрометрии.</p>
5	УК-1	Возможности предсказания и расчета структуры белка	<p>Современные методы.</p> <p>Межбелковые и межмолекулярные взаимодействия – биологическая роль.</p> <p>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.</p> <p>Reactome - база данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая.</p> <p>BioGrid - The Biological General Repository for Interaction Datasets - курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий, генетических взаимодействий, химических взаимодействий и посттрансляционных модификаций.</p>
6	УК-1	Математическое моделирование – основные понятия.	<p>Типы математических моделей, используемые в медицине и биологии. Моделирование в протеомике.</p> <p>BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес.</p>
7	УК-1	Метабономика	<p>MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кроссплатформенных метаболомных исследований и база знаний о свойствах отдельных метаболитов.</p> <p>Транскриптомика как наука, ее значение для современной медицины.</p> <p>Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий.</p> <p>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)	-	-	-
Практические занятия (ПЗ)	0,9	34	34
Семинары (С)	-	-	-
Самостоятельная работа студента (СРС)	0,8	28	28
Научно-исследовательская работа студента	-	-	-
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 тем лекций	Объем в АЧ
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
1	ПО «Statistica» - практикум по использованию. BLAST - Basic Local Alignment Search Tool — средство поиска основного локального выравнивания)	3
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
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	№ семестра	Формы контроля	Наименование раздела дисциплины	Оценочные средства		
				Виды	Кол-во вопросов в задании	Кол-во вариантов тестовых заданий
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.	Стефанов В. Е., Тулуб А. А., Мавропуло-Столяренко Г. Р. Биоинформатика. М.: ЮРАЙТ.2022.	-	https://www.litres.ru/aleksandr-aleksandrovich-tulub/bioinformatika-uchebnik-dlya-akademicheskogo-bakalavriata-21162677/
2.	Часовских Н.Ю. Биоинформатика. М.:ГЭОТАР-Медиа. 2020. 352 с.	-	https://mbookshop.ru/shop/uchebnaya-literatura/bioinformatika-uchebnik

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
2.	Зарубина Т.В., Кобринский Б.А. Медицинская информатика. М.: ГЭОТАР Медиа. 2016	-	электронный ресурс http://www.studmedlib.ru/book/ISBN9785970436899html

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. Бинوم. 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
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 «Медиасфера» -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 ресурса	Краткая характеристика (контент)	Условия доступа
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

Учебные аудитории для проведения учебных занятий по дисциплине—оснащены оборудованием и техническими средствами обучения.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечены доступом в электронную информационно-образовательную среду организации.

При осуществлении образовательного процесса по дисциплине используется комплект лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения, в том числе отечественного производства.