

Владимирский филиал федерального государственного бюджетного
образовательного учреждения высшего образования
«Приволжский исследовательский медицинский университет»
Министерства здравоохранения Российской Федерации



УТВЕРЖДАЮ

Исполняющий обязанности директора

Владимирского филиала

 Ю.В. Арсенина

«29» августа 2024 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА

Название дисциплины: **БИОИНФОРМАТИКА В МЕДИЦИНЕ**

Специальность: **31.05.01 ЛЕЧЕБНОЕ ДЕЛО**
(код, наименование)

Квалификация: **ВРАЧ — ЛЕЧЕБНИК**

Форма обучения: очная

Трудоемкость дисциплины: **72 А.Ч.**

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

СОГЛАСОВАНО
Начальник УМО


(ПОДПИСЬ)

И.Ю. Калашникова

«29» августа 2024 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 компетенции	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 Метабомика, 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) —

			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	УК-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	УК-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	УК-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	УК-1	Метабономика	MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кроссплатформенных метаболомных исследований и база 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.

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	Метабомика.	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	Метабономика	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. Шведаса. 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.