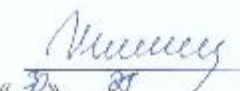


Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«Уральский федеральный университет имени первого Президента России Б.Н. Ельцина»

УТВЕРЖДАЮ
Директор по образовательной
деятельности


« 28 » 08 С.Т. Князев
2020 г.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА МОДУЛЯ



Код модуля	Модуль
1154390	Дополнительные клинические дисциплины

Екатеринбург, 2020

Перечень сведений о рабочей программе модуля	Учетные данные
Образовательная программа 1. Цифровая медицина и биоинформатика	Код ОП 1. 30.05.03/22.01
Направление подготовки 1. Медицинская кибернетика	Код направления и уровня подготовки 1. 30.05.03

Программа модуля составлена авторами:

№ п/п	Фамилия Имя Отчество	Ученая степень, ученое звание	Должность	Подразделение
1	Юшков Борис Германович	член-корр. РАН, д.м.н., профессор	Профессор	Департамент биологии и фундаментальной медицины
2	Улитко Мария Валерьевна	к.б.н.	Директор департамента, доцент	Департамент биологии и фундаментальной медицины
3	Храмцова Юлия Сергеевна	к.б.н.	Доцент	Департамент биологии и фундаментальной медицины
4	Арташян Ольга Сергеевна	к.б.н.	Доцент	Департамент биологии и фундаментальной медицины
5	Янович Семен Владимирович	к.б.н.	Доцент	Департамент биологии и фундаментальной медицины
6	Мищенко Владимир Алексеевич	-	Ассистент	Департамент биологии и фундаментальной медицины

Согласовано:
Учебный отдел



1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МОДУЛЯ

1.1. Аннотация содержания модуля

Модуль «Дополнительные клинические дисциплины» относится к вариативной части учебного плана по выбору студента и направлен на достижение результатов образования: демонстрировать адекватный мировому уровень общей культуры, включая современное естественнонаучное знание; интегрироваться в национальную и мировую культуру, современное общество, проявлять гражданственность и социальную ответственность; осуществлять научно-производственную и проектную деятельность; осуществлять научно-исследовательскую деятельность.

1.2. Структура и объем модуля

Таблица 1

№ п/п	Перечень дисциплин модуля в последовательности их освоения	Объем дисциплин модуля и всего модуля в зачетных единицах
1.	Современные методы	3
2.	Клиническая анатомия	6
ИТОГО по модулю:		9

1.3. Последовательность освоения модуля в образовательной программе

Пререквизиты модуля	
Постреквизиты и кореквизиты модуля	

1.4. Распределение компетенций по дисциплинам модуля, планируемые результаты обучения (индикаторы) по модулю

Таблица 2

Перечень дисциплин модуля	Код и наименование компетенции	Планируемые результаты обучения (индикаторы)
1	2	3
Современные методы	ОПК-6 - Способен обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной	31 – Демонстрировать знание информационных технологий, биоинформационных технологий и принципов

	<p>деятельности; выполнять требования информационной безопасности</p>	<p>информационной безопасности</p> <p>У1 - Уметь применять информационные технологии в области здравоохранения, в профессиональной деятельности</p> <p>П1 – Владеть требованиями информационной безопасности при осуществлении профессиональной деятельности</p>
<p>Клиническая анатомия</p>	<p>ОПК-2 - Способен выявлять и оценивать морфофункциональные, физиологические состояния и патологические процессы в организме человека, моделировать патологические состояния <i>in vivo</i> и <i>in vitro</i> при проведении биомедицинских исследований</p>	<p>З-1 - Демонстрировать знания в области морфофункционального, физиологического состояния и патологических процессов в организме человека и животных</p> <p>У-1 – Анализировать знания в области морфофункционального и физиологического состояния, а также патологических процессов в организме животных и человека</p> <p>П-1 - Иметь опыт моделирования патологических состояний в организме животных, опыт оценки симптомов патологических состояний у человека</p>

1.5. Форма обучения

Обучение по дисциплинам модуля может осуществляться очно.

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Современные методы

Рабочая программа дисциплины составлена авторами:

№ п/п	Фамилия Имя Отчество	Ученая степень, ученое звание	Должность	Подразделение
1.	Ковалев Сергей Юрьевич	д.б.н.	профессор	Кафедра экспериментальной биологии и биотехнологий

Рекомендовано учебно-методическим советом института

1. СОДЕРЖАНИЕ И ОСОБЕННОСТИ РЕАЛИЗАЦИИ ДИСЦИПЛИНЫ

Авторы: Ковалев Сергей Юрьевич, К.б.н., профессор, Кафедра экспериментальной биологии и биотехнологий

1.1. Технологии реализации, используемые при изучении дисциплины модуля

- Традиционная (репродуктивная) технология

1.2. Содержание дисциплины

Таблица 1.1

Код раздела, темы	Раздел, тема дисциплины	Содержание
1.	Биоинформационные базы данных	Введение в биоинформатику. Информационные технологии в биоинформатике. Базы данных и информационные системы в биоинформатике их классификация и назначение (NCBI GenBank, EMBL, SWISS-Prot, UniProt, PDB)
2.	Инструменты анализа биоинформационных данных	Методы анализа данных и текстовой информации в биологии. Алгоритмы анализа генетических последовательностей и их адаптация к высокопроизводительным вычислительным системам. Алгоритмы структурной и функциональной аннотаций геномных последовательностей. Первичная работа с последовательностями (выравнивание, исправление ошибочных данных), поиск гомологичных последовательностей (BLAST), разработка праймеров для амплификации (Primer Blast), поиск сайтов рестрикции и открытых рамок считывания внутри последовательности.
3.	Депонирование нуклеотидных последовательностей в базы данных	Этапы депонирования нуклеотидных последовательностей в международную базу данных GenBank (с помощью программы Sequin)
4.	Филогенетический анализ	Знакомство с базовыми понятиями филогенетического анализа, методами выравнивания последовательностей и построения дендрограмм, их статистической оценки. Алгоритмы молекулярной эволюции. Построение филогенетического дерева. Преимущества и ограничения некоторых методов анализа. Интерпретация полученных данных.

5.	Работа с аминокислотными последовательностями и структурами белков	Белковые базы данных (Uniprot, PDB, TrEMBL) - история, различия, методы поиска. Моделирование трехмерной структуры белков на основе гомологии, визуализация полученных структур (программа RasMol).
6.	Базы данных научной информации и библиографические менеджеры	Знакомство с базами данных и алгоритмами поиска в PubMed, Scopus, ScienceDirect, eLibrary, Google Scholar. Доступ к полнотекстовым научным публикациям. Оформление библиографических списков с помощью библиографических менеджеров (на примере программы EndNote).

1.3. Программа дисциплины реализуется на государственном языке Российской Федерации.

2. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Электронные ресурсы (издания)

1. Леск А. Введение в биоинформатику - М.: Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 324 с.
2. Никулина, А.В. Кривые титрования : учебное пособие / А.В. Никулина, Т.А. Кучменко. - Воронеж : Воронежский государственный университет инженерных технологий, 2011. - 151 с. - ISBN 978-5-89448-895-0 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=141918>
3. Андрианов, А.М. Конформационный анализ белков: теория и приложения / А.М. Андрианов ; под ред. Г.В. Малаховой. - Минск : Белорусская наука, 2013. - 518 с. - ISBN 978-985-08-1529-3 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=142264>
4. Мандель, Б.Р. Основы современной генетики : учебное пособие для учащихся высших учебных заведений (бакалавриат) / Б.Р. Мандель. - Москва ; Берлин : Директ-Медиа, 2016. - 334 с. : ил. - Библиогр. в кн. - ISBN 978-5-4475-8332-3 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: [http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=440752\(19.12.2017\)](http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=440752(19.12.2017)).

Печатные издания

не предусмотрены

Профессиональные базы данных, информационно-справочные системы

не предусмотрены

Материалы для лиц с ОВЗ

Весь контент ЭБС представлен в виде файлов специального формата для воспроизведения синтезатором речи, а также в тестовом виде, пригодном для прочтения с использованием экранной лупы и настройкой контрастности.

Базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

не предусмотрены

3. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Сведения об оснащённости дисциплины специализированным и лабораторным оборудованием и программным обеспечением

Таблица 3.1

№ п/п	Виды занятий	Оснащённость специальных помещений и помещений для самостоятельной работы	Перечень лицензионного программного обеспечения. Реквизиты подтверждающего документа
1	Лекции	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Рабочее место преподавателя Доска аудиторная Подключение к сети Интернет	Не предусмотрено
2	Практические занятия	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Рабочее место преподавателя Доска аудиторная	Не предусмотрено
3	Текущий контроль и промежуточная аттестация	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Рабочее место преподавателя Доска аудиторная	Не предусмотрено
4	Самостоятельная работа студентов	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Подключение к сети Интернет	Не предусмотрено

ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Вопросы к зачету по дисциплине

Задание №1. Поиск и загрузка последовательностей из базы данных GenBank, работа с секвенограммами

1. Работа с секвенограммами. Загрузите программу DNA Baser (пробная версия) <http://www.dnabaser.com/download/DNA-Baser-sequence-assembler/index.html>. Создайте новый проект, куда добавьте полученные секвенограммы последовательности, секвенированной в двух направлениях (файлы формата*.ab1, sense и asense – комплементарные цепи). При необходимости воспользуйтесь tutorial <http://www.dnabaser.com/help/tutorials/how%20to%20use%20it/index.html>. Выполните анализ, проверьте визуально наличие/отсутствие ошибок, особенно выделенные несовпадения нуклеотидов. Убедитесь, что редактор сделал правильный выбор нуклеотида, ориентируясь на более качественно прочитанную цепь ДНК. Сохраните контиг в Fasta (имя файла и последовательности – фамилия + номер секвенограммы). Используя BLAST, установите, какому организму принадлежит последовательность. Посчитайте наименьшее число нуклеотидных замен в полученной последовательности по сравнению с 3 наиболее близкими последовательностями в GenBank (сортировка по гомологии).

2. Откройте последовательность с наибольшим сходством, сохраните в формате Fasta и GenBank. Название = номер доступа + название организма. В отдельном документе написать название и полное таксономическое положение организма, которому принадлежит последовательность, название гена, а также число генов в геноме и количество посвященных его изучению публикаций (эти сведения можно найти в панели Entrez records в базе Taxonomy).

3. Используя BLAST, найдите последовательности, обладающие наибольшей гомологией с изучаемой последовательностью. В дополнительных параметрах укажите число выводимых последовательностей 250. Отсортируйте последовательности по проценту покрытия (Query coverage). Выберите 10 отличающихся друг от друга последовательностей (не брать последовательности длинее 5000 н.п.) и сохраните их в формате Fasta и GenBank.

Задание №2. Анализ последовательностей (пакет UGENE).

1. Скачайте последовательность с номером M37274. Откройте её в UGENE. Просмотрите параметры подбора праймеров и измените их так, чтобы длина амплифицируемого продукта была 400-600 п.н., а оптимальная температура отжига – (1,6,11,16) 50°C (±3), (2,7,12,17) 53°C (±3), (3,8,13,18) 56°C (±3), (4,9,14,19) 59°C (±3), (5,10,15,20) 64°C (±3). Убедитесь, что подобранные праймеры отвечают вашим требованиям. Сохраните 3 первых результата в следующем виде (Та по формуле рассчитайте вручную):

Название организма, название гена

Номер пары праймеров	Последовательность	Ориентация праймера	Длина праймера
Та (по UGENE)	Та (по формуле)	Длина ПЦР-продукта	

1

+ Картинка с графическим представлением расположения праймеров.

2. Рестрикционный анализ

Скачайте последовательности

1,5,6,11,20) AB091804, AY463164 и AB091798

2,7,12,14,19) AB178340, AB178368 и AB003785

3,8,13,15,18) AB178368, AB178340 AB003785

4,9,10,16,17) AB091798, AB178368 и AY463164

в формате fasta. Последовательно проведите виртуальное расщепление последовательностей рестриктазой MseI. В любом графическом редакторе (или MS Word) сделайте схему разделения полученных фрагментов трех последовательностей путем электрофореза, подпишите длины фрагментов. Не забудьте указать название организма.

3. Скачайте последовательность NM243142 в формате fasta. Определите, сколько открытых рамок считывания содержит последовательность (можно привести скриншот из UGENE). При поиске укажите 200 как минимальную длину ORF. Проанализируйте каждую из них в BLAST protein. Определите, сколько ORF кодируют известные белки. Как меняется число ORF, если вместо стандартного генетического кода использовать

1,2,3,4,14,15) бактериальный – 11,

5,6,7,8,19,20) дрожжевой – 3

9,10,11,17) беспозвоночных (митохондриальный) – 5

12,13,16,18) трематод – 21?

Также приведите скриншот и численное сравнение.

Итог – один документ MS Word с отчетами по трем заданиям (назвать по фамилии_2 (номер задания))!

Задание №3. Аннотирование последовательностей для отправки в GenBank с использованием Sequin.

1. Загрузить программу Sequin с сайта <ftp://ftp.ncbi.nih.gov/sequin> (файл sequin.win.exe). Запустите приложение. Файлы распакуются в ту же папку, где находится загруженный файл. Установка не требуется.

Создать файл Fasta (создать в блокноте с расширением *.txt, затем изменить на *.fasta), используя следующую последовательность:

```
GATCCAGTAGGTTTCTGAAGGTGACATTGACATATTCGCTCGCACATTGCATTTGAA
TCGCTGAAGTTGACCGAACTTGATGATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT
TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTA CTGGTACCCCCCCCCCGCCCAACAATGA
```

TGACGAAAGGAGCGAGCGAGCGAGTGTAGGTGTTGTTGTCTGTGGTGAGTAGACGG
CGAGCCCCACCACCATTTGGGCTCCGTCGGCCACCGCAGAGAGGAACAACAACAAA
CACAACAACCAAAAACCTGGTGCGTTACCCTGTTCTGTGCTCTGTGTGTACTAGCCT
TCCGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCCGCTGCGTCCATCTCGTCCA
TGTGCTGCCGCTGCCGGTGTATCTATCTCGCACATGTCCATGCGTGAGACAGACACA
TATGGATCGTGATCGACAAACGGGGCGGCCGCGTCACACACACTGTCTGTGGTGTGT
GTGTGTGTGTGTGCGTATGTGTGTGTACTACTACTATTGCAAAAAGAAACAAGAGAAC
AAACAAACCCTAGGCAGGGGATCACTCGGCTCGTGGTATCACACAACCCGTCAGCT
ACTATGCGATGACACTTAGAGCCGGG

Обратите внимание, что название файла и путь к нему (!) должны содержать только латинские буквы (иначе файл не будет распознаваться программой).

Откройте sequin.exe, Start new submission. Заполните поля своими данными (автор, контакты, учреждение и т.п.). При выборе типа выберите стандартный диалог и загрузите подготовленный Fasta-файл. С помощью BLAST найдите, кому принадлежит данная выше последовательность. Используйте данные её аннотации для заполнения последующих полей, касающихся организма (организм можете взять любой) и гена (проследите, чтобы в вашем файле присутствовали ВСЕ свойства последовательности). Проверьте получившийся проект и сохраните его.

Задание №4. Выравнивание последовательностей.

Установите программу BioEdit (<http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>, версия 7.2.5.).

1. Откройте в ней файл в формате Genbank, получившегося в ходе выполнения первого задания. Выделите все последовательности, переименуйте их таким образом, чтобы название состояло из следующих элементов: номер доступа в GenBank, название организма, штамм (изолят), место выделения. Сохраните файл как Fasta (*.fasta). Откройте его с помощью Блокнота и автозаменой удалите ненужные идентификаторы со скобками (strain, isolate, country etc). Сохраните.

2. Загрузите программу MEGA6.0 <http://www.megasoftware.net/>

3. Создайте новый проект (alignment project, файл формата *.mas). Вставьте в него последовательности, обработанные в BioEdit (+ту последовательность, которую вы сами получили в первом задании) и выровняйте с помощью алгоритмов ClustalW или MUSCLE, с использованием стандартных параметров. Просмотрите результат визуально, убедитесь в отсутствии явных ошибок (особенно при наличии делеций/вставок). Сохраните проект и экспортируйте его в формат *.meg. Пришлите файлы в формате *.meg и *.mas (название стандартное – фамилия+номер задания).

Задание 5. Филогенетический анализ, работа с деревьями

1. Откройте получившийся meg-файл. Постройте филогенетические деревья с помощью алгоритмов Neighbor-joining, Maximum likelihood (с полным и попарным удалением делеций – всего 4 дерева) При построении используйте bootstrap (500 реплик). Сохраните в их в emf-формате и вставьте в текстовый документ (не забудьте подписать название используемого алгоритма у каждого дерева). Сохраните документ. Оцените степень конгруэнтности (сходства топологии) деревьев, а также величины бутстрепа.

2. Еще раз постройте дерево алгоритмом Neighbor-joining. Скопируйте описание методики построения, открывающееся при нажатии кнопки Caption (в Tree Explorer) и

вставьте его в текстовый документ. Далее используйте графические опции – выделите филогенетические группы (по своему усмотрению) и окрасьте значки последовательностей, принадлежащих разным группам, разными цветами. Сделайте дерево радиальным. Скройте величины бутстрепа ниже 70. Сохраните в emf и тоже вставьте в документ.

Задание №6. Работа с белковыми БД и трехмерными моделями белков

1. Найдите в базе данных PDB (<http://www.ebi.ac.uk/pdbe/>) информацию о следующем белке.

1,2,3) 1HI1 4,5,6) 1MD8 7,8) 3TTH 9,10)2R4G 11,12,13) 1TAQ

Внимательно изучите все вкладки и заполните таблицу (на русском языке!!!):

Запись

Названия белка

Организм

Таксономический идентификатор

Локализация в клетке

Участие в биологических процессах

UniProt номер

Молекулярные функции

Количество изоформ (если есть)

Лиганды (если есть)

Ссылка на самую свежую публикацию о белке

Accession Number гена (по EMBL или GenBank)

При отсутствии некоторых свойств в БД PDBе, зайдите на сайт БД UniProt (<http://www.uniprot.org>) и найдите данный белок с помощью идентификатора. Найдите недостающие данные и дополните таблицу.

2. (результат в том же документе Word) Из БД PDBе скачайте 3D структуру белка 1MD8 (ввести в строке поиска, затем download files – pdb file (text)).

1. Просмотрите информацию об этом белке. Запишите его название, организм, которому он принадлежит, UniProt ID.

2. Найдите первичную последовательность белка. Здесь вы можете графически увидеть несоответствие между нумерацией аминокислотных остатков в файле структуры pdb и файле UniProt, а также расположение доменов (указаны под Regions □ Pfam).

3. Запишите позиции аминокислот, входящих в каждый домен (например, 5-150 аминокислотных остатков - CoA-transferase family III). Название домена возьмите из базы данных Pfam (Protein Families database, <http://pfam.sanger.ac.uk/>), куда попадете при щелчке на выбранный домен.

4. Скачайте программу RasMol (<http://www.rasmol.org/>, скачать latest Windows installer) и установите на компьютер.

6. Откройте RasMol. Появятся 2 окна – одно для 3D структуры (с меню), другое - с командной строкой. Работа ведется параллельно в двух окнах. С помощью команд Файл - открыть откройте 3D структуру белка (1MD8).

7. Попробуйте различные типы визуализации (Вид) и окраски (Цвет) модели. Сохраните модель, окрашенную по структуре и визуализированную по типу 1,2,3) скелет 4,5,6) Ван-дер-Ваальсов радиус 7,8) ленты 9,10) нити 11,12,13) «картон». Вставьте рисунок в тот же документ Word.

8. Окрасьте молекулу в черно-белый цвет. Определите число дисульфидных мостиков, покажите расположение молекул воды (используйте команду `select water`, визуализируйте «Ван-дер-Ваальсов радиус» и окрасьте любым цветом по желанию (`color цвет`)). Картинку сохраните.

9. Помните, что сейчас выделены только молекулы воды. Выделите всю молекулу белка. Теперь ваша задача – окрасить белок в соответствии с его доменной структурой (домены разными цветами). Для этого используйте данные о расположении доменов, полученные ранее, а также команды RasMol для командной строки. Помните, что все операции идут только с выделенным массивом атомов.

`Select 1-100` (выделяет с 1 по 100 аминокислоту).

`Color green` (окрашивает выбранный участок в зеленый).

Сохраните итоговое изображение доменной структуры белка, вставьте в файл.

Лучше, если вы сами подберете (подробнее в Help) для себя удобный набор команд, которыми вы будете работать.

Примеры

`select all`

`color structure`

`select hetero`

`select water`

`select hetero and not water`

`select cystine`

`color green`

`ssbond` (программа указывает число SS-мостков в молекуле и выделяет их пунктиром)

Более подробно – в `help` и на сайте <http://www.colorado.edu/chemistry/bioinfo/CommandLineIntroduction.htm>

Задание №7. Моделирование структуры белка

1. Зайти на сайт GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>), в строке поиска ввести номер искомой нуклеотидной последовательности гена: (1,2,3) GU121967 (4,5,6) AF091013 (7,8) GU121965 (9,10) AF091019 (11,12,13) GU121967.

2. В аннотации к последовательности найти строку `FEATURES`, `protein_id`. Номер содержит ссылку на транслированную аминокислотную последовательность соответствующего белка. Необходимо ее сохранить в FASTA.

3. Копировать аминокислотную последовательность из скачанного файла, зайти на сайт Swiss-Model (<http://swissmodel.expasy.org/interactive>). Вставить последовательность в поле, также ввести свой e-mail (необязательно) и описание работы (по желанию). Нажать Build Model. Скачать модель, построенную по наиболее сходной последовательности (максимальное значение Sequence Identity).
4. Полученный файл открыть в RasMol, визуализировать «Ленты» и окрасить по структуре. Рисунок сохранить.
5. Выделить сайты гликозилирования (визуализировать молекулу «Каркас», а сайты – «Ван-дер-Ваальсов радиус»). Информацию об их расположении можно получить из аннотации полипротеина, включающего в себя исследуемый белок (UniProt P14336). Обратите внимание на несовпадение номеров позиций, т.к. в UniProt дается аннотация всего полипротеина, а не отдельного белка. Определите (и запишите!) номера позиций сайта гликозилирования относительно начала белка E. Рисунок сохраните, вставьте оба рисунка в документ Word, укажите номер последовательности, название и функции белка, организм.

Задание №8. Работа с научной литературой

1. Зайдите на PubMed Central <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/> и введите ключевые слова для поиска статей по вашей тематике (например, название организма, гена, физиологического процесса и т.п.). Введите ограничения – ищите статьи, вышедшие за последние 5 лет. Скачайте 5 статей и сохраните их в отдельной папке.
2. Создайте в EndNote (<http://www.endnote.com>, пробная версия) базу, содержащую эти 5 статей. Создайте следующий стиль для цитирования журнальных статей:

Фамилия и инициалы автора статьи (жирный курсив). <Если авторов >3, то указывается только первый + et al.> Название работы (без кавычек) // Название периодического издания (без кавычек). V. Том. № Номер выпуска. Год издания. p. Номера страниц (полностью).

Например:

Tautz D. et al. Complete sequences of the rRNA genes of *Drosophila melanogaster* // Mol Biol Evol. № 4. 1988. p. 366-376.

3. Оформите текстовый документ с произвольным текстом, но содержащий ссылки на эти статьи, вставленный с помощью EndNote и созданного вами стиля.

Примечание: видео-учебник по программе <http://endnote.com/training>

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

Клиническая анатомия

Рабочая программа дисциплины составлена авторами:

№ п/п	Фамилия Имя Отчество	Ученая степень, ученое звание	Должность	Подразделение
1	Данилова Ирина Георгиевна	д.б.н., доцент	Зав. кафедрой	Кафедра медицинской биохимии и биофизики
2	Якимов Андрей Аркадьевич	к.м.н., доцент	Доцент	Кафедра медицинской биохимии и биофизики

Рекомендовано учебно-методическим советом института

1. СОДЕРЖАНИЕ И ОСОБЕННОСТИ РЕАЛИЗАЦИИ ДИСЦИПЛИНЫ

Авторы: Данилова Ирина Георгиевна, д.б.н., доцент, зав. кафедрой медицинской биохимии и биофизики;

Якимов Андрей Аркадьевич, к.м.н., доцент, доцент кафедры медицинской биохимии и биофизики

1.1. Технологии реализации, используемые при изучении дисциплины модуля

- Традиционная (репродуктивная) технология

1.2. Содержание дисциплины

Таблица 1.1

Код раздела, темы	Раздел, тема дисциплины	Содержание
P1	<i>Топографическая анатомия</i>	
T1	Топографическая анатомия брюшной полости и таза	Послойное строение переднебоковой и задней стенок живота (кожа, клетчатка, мышцы, фасции, брюшина), «слабые места» живота. Клиническое деление полости живота на составляющие (брюшная полость, полость брюшины, забрюшинное пространство, полость таза). Этажи таза. Топография органов полости живота и таза. Сосудисто-нервные комплексы живота и таза, их клинически значимые варианты и аномалии.
T2	Топографическая анатомия грудной полости	Послойное строение передней и боковых стенок грудной клетки, спины (кожа, клетчатка, мышцы, фасции). Голотопия, скелетотопия и синтопия париетальной плевры, лёгких, перикарда и органов средостения. Сосудисто-нервные комплексы груди, их клинически значимые варианты и аномалии.
T3	Топографическая анатомия верхней конечности	Топографические образования верхней конечности (подмышечная полость, борозды плеча, предплечья, каналы под удерживателями сухожилий), их стенки, содержимое и сообщения. Сосудисто-нервные комплексы верхней конечности. Варианты и аномалии артерий, вен и крупных нервов верхней конечности.
T4	Топографическая анатомия нижней конечности	Топографические образования нижней конечности (бедренный треугольник, сосудистая и мышечная лакуны, борозды и каналы бедра и голени, каналы под удерживателями сухожилий), их стенки, содержимое и сообщения. Сосудисто-нервные комплексы нижней конечности. Варианты и аномалии артерий, вен и крупных нервов нижней конечности.

T5	Топографическая анатомия головы и шеи	Области и треугольники шеи. Области и клетчаточные пространства головы, их границы, сообщения и содержимое. Послойное строение свода черепа.
P2	<i>Анатомия живого человека</i>	
T6	Лучевая анатомия	Метод рентгеновской компьютерной томографии. Понятие о шкале Хаунсфилда. Анатомические структуры грудной и брюшной полостей на аксиальных томограммах. Изображения кровеносных сосудов на компьютерных томограммах с контрастированием. 3Д-изображения органов при МСКТ. Принцип метода МРТ, его модификации. Анатомическая визуализация в T1- и T2-режимах. Анатомическое изображение суставов, мышц, головного мозга на МРТ.
T7	Эндоскопическая анатомия	Эндоскопическая анатомия трахеи и бронхов, органов пищеварительной системы (фиброгастроуденоскопия, ректороманоскопия, колоноскопия), цистоскопия, кольпоскопия.
T8	Ультразвуковая анатомия	Ультразвуковая доплерография артерий и вен в режиме цветового картирования. Ультразвуковая анатомия сердца на срезах по короткой оси, длинной оси и пятикамерных срезах. Ультразвуковая анатомия органов брюшной полости и забрюшинного пространства.

1.3. Программа дисциплины реализуется на государственном языке Российской Федерации.

2. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Электронные ресурсы (издания)

1. Анатомия позвоночного столба и грудной клетки : учебное пособие / Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования Ставропольский государственный аграрный университет ; сост. В.М. Шпыгова. - Ставрополь : Агрус, 2013. - 44 с. : ил. - Библиогр. в кн. ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=277443>
2. Методические рекомендации к практическим занятиям по возрастной анатомии, физиологии и гигиене детей и подростков : учебно-методическое пособие / Негосударственное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Институт специальной педагогики и психологии» ; авт.-сост. В.Я. Егоров. - Санкт-Петербург. : НОУ «Институт специальной педагогики и психологии», 2014. - Ч. 1. - 120 с. : табл. - Библиогр. в кн.. - ISBN 978-5-8179-0177-1 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=438770>

3. Петренко, В.М. Функциональная анатомия лимфатической системы : учебное пособие / В.М. Петренко. - Москва ; Берлин : Директ-Медиа, 2014. - 116 с. : ил. - Библиогр. в кн. - ISBN 978-5-4475-1451-8 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=255957>
4. Дыхан, Л.Б. Введение в анатомию центральной нервной системы : учебное пособие / Л.Б. Дыхан ; Министерство образования и науки Российской Федерации, Южный федеральный университет, Инженерно-технологическая академия. - Ростов на Дону : Издательство Южного федерального университета, 2016. - 115 с. : ил., табл. - Библиогр.: с. 103-104. - ISBN 978-5-9275-1973-6 ; То же [Электронный ресурс]. - URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=461883>

Печатные издания

не предусмотрены

Профессиональные базы данных, информационно-справочные системы

не предусмотрены

Материалы для лиц с ОВЗ

Весь контент ЭБС представлен в виде файлов специального формата для воспроизведения синтезатором речи, а также в тестовом виде, пригодном для прочтения с использованием экранной лупы и настройкой контрастности.

Базы данных, информационно-справочные и поисковые системы

не предусмотрены

3. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Сведения об оснащённости дисциплины специализированным и лабораторным оборудованием и программным обеспечением

Таблица 3.1

№ п/п	Виды занятий	Оснащённость специальных помещений и помещений для самостоятельной работы	Перечень лицензионного программного обеспечения. Реквизиты подтверждающего документа
1	Лекции	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Рабочее место преподавателя	Не предусмотрено

		Доска аудиторная Подключение к сети Интернет	
2	Практические занятия	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Рабочее место преподавателя Доска аудиторная	Не предусмотрено
3	Текущий контроль и промежуточная аттестация	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Рабочее место преподавателя Доска аудиторная	Не предусмотрено
4	Самостоятельная работа студентов	Мебель аудиторная с количеством рабочих мест в соответствии с количеством студентов Подключение к сети Интернет	Не предусмотрено

ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ ПО ДИСЦИПЛИНЕ

Пример вопросов к экзамену по дисциплине

1. Топографическая анатомия переднебоковой стенки живота.
2. Анатомические варианты и аномалии вен конечностей, их клиническое значение.
3. Эндоскопическая анатомия трахеобронхиального дерева.

1. Области и треугольники шеи.
2. Варианты и аномалии почек.
3. Типовая и вариантная анатомия сосудистой системы по данным МСКТ.