

**ГОУ ВПО РОССИЙСКО – АРМЯНСКИЙ (СЛАВЯНСКИЙ)  
УНИВЕРСИТЕТ**

**УТВЕРЖДЕНО УС РАУ**  
Ректор   **А.Р. Тарбинян**

**08.08.2020 г., протокол №8**

**ПРОГРАММА  
ПРОФЕССИОНАЛЬНОЙ ПЕРЕПОДГОТОВКИ «МЕТОДЫ  
АНАЛИЗА ГЕНОМНЫХ ДАННЫХ» ПО ПРОФИЛЮ  
ОСНОВНОЙ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ  
«БИОИНЖЕНЕРИИ И БИОИНФОРМАТИКА»**

## **1. Аннотация:**

### **Актуальность программы**

Стремительно развивающаяся сфера наук о жизни указывает на необходимость постоянного самосовершенствования и получения новых современных знаний и навыков. Геномика и геномные технологии создают условия для решения ряда актуальных задач биомедицины с использованием соответствующих экспериментальных подходов и методов анализа данных. Данная программа профессиональной переподготовки создает основу для понимания разнообразия современных геномных методов и сферы их применения для решения конкретных задач.

### **Цель реализации программы**

Цель предложенного курса: формирование и совершенствование профессиональных компетенции, необходимых для выполнения нового вида профессиональной деятельности.

Программа профессиональной переподготовки «Методы анализа геномных данных» направлена на получение компетенции в области геномной биоинформатики, необходимой для выполнения нового вида профессиональной деятельности, приобретение новой квалификации.

### **Задачи реализации программы**

- усовершенствование знаний в области современных методов исследования геномов;
- формирование умений дизайна и реализации геномных исследований с применением новейших технологий;
- формирование базовых знаний статистики и программирования для биологических экспериментов;
- освоение навыков анализа данных, полученных в результате проведения.

**2. Уровень образовательной программы** – дополнительное профессиональное образование.

**3. Вид образовательной программы:** дополнительная (профессиональная переподготовка)

**4. Трудоемкость программы профессиональной переподготовки**

Настоящая программа рассчитана на 504 академических часа.

**5. Формы обучения** - очная с применением дистанционных образовательных технологий в режиме видеоконференц-связи.

**6. Срок освоения программы 26 недель по 5 занятий в неделю.**

**7. Категориями слушателей для программы профессиональной переподготовки являются лица, имеющие среднее профессиональное и (или) высшее образование.**

**8. Для приема на обучение предоставляются следующие документы:**

8.1. Заполненная в установленной форме заявка.

8.2. Копия документа, удостоверяющего личность.

8.3. Диплом о наличии среднего профессионального или высшего образования лица, имеющие среднее профессиональное и (или) высшее образование.

**9. Планируемые результаты обучения: знания, умения, навыки, формируемые в результате освоения программы**

**Знать:**

Основные концепции молекулярной биологии, особенности организации геномов эукариот и прокариот, основные компоненты клетки, принципы секвенирования нуклеиновых кислот, основные форматы хранения геномных данных, принципы выравнивания на геном и сборки геномов, современные методы количественной обработки информации, теоретические основы статистической обработки данных, способы планирования эксперимента, принципы формирования репрезентативных выборок, свойства измерительных шкал, особенности методов статистической обработки и принципы их применения для решения профессиональных задач.

**Уметь:**

Работать в RStudio, использовать базовые функции R, использовать функции R, имплементированные в программных пакетах, писать функции скрипты на языке программирования R решения разных задач, работать с разными типами биологических данных, методами выделения и амплификации нуклеиновых кислот, приготовления различных версий секвенирования в зависимости от типа задач, оценивать качество «сырых» данных секвенирования, подбирать методы проверки статистических гипотез с учетом вида гипотезы особенностей выборки, характера распределения исследуемых показателей, проводить статистическую и биоинформатическую обработку данных с использованием специализированных и универсальных программных средств, интерпретировать полученные результаты.

**Владеть:**

Языком программирования R, работой в командной строке в операционной системе Linux, методами приготовления библиотек для секвенирования, основными пакетами и библиотеками для биоинформатического и статистического, функционального и филогенетического анализа геномных данных, программами визуализации геномных данных.

**10. Описание перечня профессиональных компетенций, формируемых в результате освоения программы профессиональной переподготовки**

- способностью самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области геномики и биоинформатики, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий,
- способностью заниматься педагогической деятельностью в области геномики и биоинформатики, формировать и излагать учебный материал;
- способностью проводить научно-технологическую деятельность в области геномики и биоинформатики.

**11. Форма итоговой аттестации – исследовательский проект на предложенную тему.**

## 12. Распределение объема программы по разделам и/или темам и видам учебной работы

Разделы и темы дисциплины	Всего (ак. часов)	Лекции (ак. часов)	Практ. занятия (ак. часов)	Семинары (ак. часов)	Самостоятельная работа
<b>1</b>	<b>2=3+4+5+6</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>
<b>Дисциплина 1. Программирование в языке R</b>	<b>108</b>		<b>34</b>	<b>34</b>	<b>40</b>
Тема 1.1. Одномерные переменные в R.	13		4	4	5
Тема 1.2. Многомерные переменные в R.	13		4	4	5
Тема 1.3. Импорт и сохранение данных в R.	13		4	4	5
Тема 1.4. Условные инструкции в R.	13		4	4	5
Тема 1.5. Циклы в R.	12		4	4	4
Тема 1.6. Функции в R.	12		4	4	4
Тема 1.7. Визуализация данных.	12		4	4	4
Тема 1.8. Библиотеки для анализа биологических данных в R.	10		3	3	4
Тема 1.9. Статистические методы в R.	10		3	3	4
<b>Дисциплина 2. Стат. обработка в Excel</b>	<b>108</b>	<b>32</b>			<b>76</b>
Тема 2.1. Основные понятия в статистике.	14	4			10
Тема 2.2. Описательные статистики.	14	4			10
Тема 2.3. Нормальное распределение.	12	4			8
Тема 2.4. Идея статистического вывода и уровень значимости.	12	4			8
Тема 2.5. Сравнение средних.	14	4			10
Тема 2.6. Однофакторный дисперсионный анализ.	14	4			10
Тема 2.7. Корреляция.	14	4			10
Тема 2.8. Регрессия.	14	4			10
<b>Дисциплина 3. Секвенирование нового поколения</b>	<b>72</b>	<b>18</b>	<b>18</b>		<b>36</b>
Тема 3.1. Введение в молекулярную биологию и секвенирование.	8	2	2		4

Тема 3.2. Основные задачи и применения высокопроизводительных	16	4	4		8
Тема 3.3. Работа с данными высокопроизводительного секвенирования: прочтения и контроль	16	4	4		8
Тема 3.4. Выравнивание прочтений.	8	2	2		4
Тема 3.5. Статистика выравнивания на геном и транскриптом	8	2	2		4
Тема 3.6. Геномная визуализация.	8	2	2		4
Тема 3.7. Взаимопревращение форматов данных.	8	2	2		4
<b>Дисциплина 4. Секвенирование 3-го поколения на OxfordNanopore</b>	<b>72</b>	<b>24</b>	<b>24</b>		<b>24</b>
Тема 4.1. Технология OxfordNanopore.	24	8	8		8
Тема 4.2. Протоколы, используемые OxfordNanopore.	24	8	8		8
Тема 4.3. Лабораторный проект.	24	8	8		8
<b>Дисциплина 5. Функциональная геномика</b>	<b>72</b>	<b>24</b>	<b>24</b>		<b>24</b>
Тема 5.1. Геномика. Проект «Геном	12	4	4		4
Тема 5.2. Введение в функциональную геномику.	12	4	4		4
Тема 5.3. Методы функциональной геномики	12	4	4		4
Тема 5.4. Базы данных функциональной геномики	12	4	4		4
Тема 5.5. Транскриптомика. Основные	12	4	4		4
Тема 5.6. Протеомика. Протеомные базы данных	12	4	4		4
<b>Дисциплина 6. Молекулярная филогенетика</b>	<b>72</b>	<b>12</b>	<b>16</b>		<b>44</b>
Тема 6.1. Цели, принципы и понятия молекулярной эволюции	10	2	2		6
Тема 6.2. Выравнивание генетических последовательностей	10	2	2		6
Тема 6.3. Генетические дистанции и эволюционные модели.	14	2	4		8
Тема 6.4. Филогенетический анализ.	14	2	4		8
Тема 6.5. Основные задачи филогенетического анализа	12	2	2		8

Тема 6.6. Компьютерные программы для филогенетического анализа.	12	2	2		8
<b>ИТОГО</b>	<b>504</b>	<b>110</b>	<b>116</b>	<b>34</b>	<b>244</b>

### 13. Содержание разделов/ тем программы

#### Дисциплина 1. Программирование в среде R

##### Аннотация

Данная дисциплина посвящена ознакомлению студентов с программированием в среде R. В настоящее время биомедицинские исследования производят большие объемы данных, которые требуют специальных навыков программирования и для анализа и интерпретации. R — это универсальный язык программирования, разработанный для применения в таких областях, как анализ данных, классические статистические тесты, машинное обучение, высокоуровневая графика и т.д. Благодаря своей обширной и непрерывно расширяющейся библиотеке пакетов язык R занимает ведущие позиции в статистике, в анализе и добычи данных, в частности, в биоинформатике.

**Тема 1. Одномерные переменные в R.** Организация среды программирования R, настройка R-studio. Типы переменных (numeric, character, string, factor). Арифметические и логические операции с переменными. Создание векторов. Индексация векторов. Арифметические и логические операции с векторами.

**Тема 2. Многомерные переменные в R.** Создание переменных типов matrix, dataframe, array, list. Обращение к элементам (строки и столбцы) переменных. Фильтрация переменных по определённым признакам. Библиотека «dplyr».

**Тема 3. Импорт и сохранение данных в R.** Импорт разных типов (vector, matrix) и форматов (csv, tsv, txt, xlsx, RData) данных в R. Импорт и чтение данных по строкам. Сохранение данных в соответствующих форматах.

**Тема 4. Условные инструкции в R.** Применение условных инструкций для одномерных и многомерных переменных. Условные инструкции топов if, else, ifelse, while.

**Тема 5. Циклы в R.** Написание циклов в R. Циклы с использованием For. Функции (apply, sapply, lapply). Применение условных инструкций в циклах.

**Тема 6. Функции в R.** Написание функций в R. Использование условных инструкций и циклов в функциях. Написание скрипта с входными аргументами. Библиотека «rmarkdown»

**Тема 7. Визуализация данных.** Визуализация данных с применением базовых функций R (гистограмма, боксплот, барплот). Визуализация данных с использованием библиотеки <ggplot2> (гистограмма, дотплот, densityplot, боксплот, скатерграф). Интерактивная визуализация данных с использованием библиотеки <plotly>. Сохранение графиков в форматах pdf, jpeg.

**Тема 8. Библиотеки для анализа биологических данных в R.** Основные типы биологических данных. Основные форматы хранения данных и их импорт в среду R. Классы и библиотеки Bioconductor. Использование Bioconductor для анализа экспрессии генов и функциональной аннотации геномных участков. Импорт и сохранения спец форматов биологических данных

**Тема 9. Статистические методы в R.** Понятия случайной переменной, ее распределения. Описательный статистический анализ. Непараметрическая статистика.

### **Литература**

1. Мастицкий С.Э., Шитиков В.К. Статистический анализ и визуализация данных с помощью R, 2015.
2. **Адреса электронных ресурсов**  
<http://www.cookbook-r.com/>  
<http://r-analytics.blogspot.ru/>

## **Дисциплина 2. Статистическая обработка в биологии**

### **Аннотация**

Курс знакомит студентов с основными понятиями и методами математической статистики. Рассматриваются подходы к описанию получаемых данных, основные методы и принципы статистического анализа, интерпретация и визуализация получаемых результатов. Полученных знаний будет достаточно для решения широкого круга задач, возникающих в рамках исследовательской работы в различных областях биологии.

**Тема 1. Основные понятия в статистике.** Выборка и генеральная совокупность. Методы формирования выборки. Типы переменных. Количественные и номинативные переменные. Графическое представление данных.

**Тема 2. Описательные статистики.** Меры центральной тенденции. Меры изменчивости. Квартили распределения и график box-plot.

**Тема 3. Нормальное распределение.** Понятие нормального распределения. Стандартизация. Правила двух и трех сигм, использование стандартизации. Центральная предельная теорема. Доверительные интервалы для среднего.

**Тема 4. Идея статистического вывода, р-уровень значимости.** Статистическая проверка гипотез. Идея статистического вывода. р-уровень значимости и его интерпретация.

**Тема 5. Сравнение средних.** Т-распределение. Сравнение двух средних; t-критерий Стьюдента. Проверка распределения на нормальность, QQ-Plot. U-критерий Манна-Уитни.

**Тема 6. Однофакторный дисперсионный анализ.** F-значение. Применение и интерпретация. Множественные сравнения. Проблема множественного сравнения выборок. Поправка Бонферрони. Критерий Тьюки. Интерпретация результатов. Многофакторный дисперсионный анализ.

**Тема 7. Корреляция.** Понятие корреляции. Условия применения коэффициента корреляции. Параметрическая и непараметрическая корреляция.

**Тема 8. Регрессия.** Регрессия с одной независимой переменной. Гипотеза о значимости взаимосвязи и коэффициент детерминации. Условия применения линейной регрессии с одним предиктором. Применение регрессионного анализа и интерпретация результатов. Задача предсказания значений зависимой переменной. Регрессионный анализ с несколькими независимыми переменными.

## **Литература**

1. Barbara Illowsky, Susan Dean. Introductory Statistics. ©2018 RiceUniversity.  
<https://openstax.org>
2. С. Гланц. Медико-биологическая статистика. Практика. 1990

## **Адреса электронных ресурсов**

1. OpenIntro Statistics: <https://www.openintro.org/stat/textbook.php>

2. [https://gallery.shinyapps.io/CLT\\_mean/](https://gallery.shinyapps.io/CLT_mean/)
3. [https://gallery.shinyapps.io/dist\\_calc/](https://gallery.shinyapps.io/dist_calc/)

### **Дисциплина 3. Секвенирование нового поколения**

#### **Аннотация**

Технологии высокопроизводительного секвенирования ДНК — секвенирования следующего и третьего поколения обеспечили бурный рост объемов биологических данных и открыли новые возможности для исследований в областях молекулярной биологии, биомедицины и биотехнологии. Широкий круг применений анализа данных секвенирования в исследовании регуляции экспрессии генов, медицинской геномике, биотехнологических приложениях требует согласования форматов, соблюдения общих стандартов представления информации, с использованием «сырых» данных секвенирования и разработкой общих конвейеров их компьютерной обработки и модельной интерпретации. Цель данной дисциплины - ознакомить студентов с основными технологиями секвенирования, их применениями, контролем качества, аннотации и визуализации геномных результатов, а также обучить их самостоятельно проводить первичную обработку экспериментов, используя соответствующие биоинформатические программы.

**Тема 1. Введение в молекулярную биологию и секвенирование.** Основные концепции молекулярной биологии. Геномы эукариот и прокариот. Компоненты клетки. Полимеразная цепная реакция (ПЦР). Принцип секвенирования. Секвенирование по Сэнгеру. Обзор технологий высокопроизводительных методов секвенирования.

**Тема 2. Основные задачи и применения высокопроизводительных методов секвенирования.** Приготовление типичной библиотеки для высокопроизводительного секвенирования. Основные применения высокопроизводительного секвенирования. Методы *de novo*: сборка геномов и транскриптомов. Методы ресеквенирования в применении к геномам и транскриптомам. Позиционные методы: MNase-seq, DNase-seq, ATAC-seq. Позиционные методы: ChIP-seq. Методы определения 3D-структуры ДНК: 3C, 4C, 5C, Hi-C.

**Тема 3. Работа с данными высокопроизводительного секвенирования: прочтения и контроль качества.** Референсные геномы. Форматы FASTA и FASTQ. Геномные интервалы.

Формат BED. Аннотация геномов. Форматы GTF и GFF. Контроль качества сырых прочтений: FastQC.

**Тема 4. Выравнивание прочтений.** Концепция и алгоритмы выравнивания последовательностей. BLAST и его варианты. Форматы SAM, BAM и CRAM. Использование samtools.

**Тема 5. Статистика выравнивания на геном и транскриптом.** Сложность библиотеки. Дубликаты прочтений и их типы. Мульти-выравнивания и выравниваемость. Выравнивание на транскриптом. Ните-специфичность, загрязнение рибосомной РНК, особенности покрытия

**Тема 6. Геномная визуализация.** Визуализация покрытия, интервалов, и прочтений. Samtoolstview. Геномные браузеры UCSC и IGV. Индексация и визуализация BAM. Форматы для отображения покрытия. Учет дубликатов. Отображение вариаций в геноме. Важные опции в IGV. Использование дополнительных треков и аннотаций. Браузеры ExAc и GTEh.

**Тема 7. Взаимопреращение форматов данных.** Форматы для покрытия. Форматы для интервалов. Форматы для аннотации. Утилиты UCSC.

## Литература

1. Д.В. Ребриков. NGS: высокопроизводительное секвенирование. БИНОМ. Лаборатория знаний 2014
2. István Albert. The Biostar Handbook: 2nd Edition.  
<https://www.biostarhandbook.com/index.html>

## Адреса электронных ресурсов

1. Cell Biology by the Numbers: <http://book.bionumbers.org/>
2. An Introduction to Molecular Biology:  
[https://en.wikibooks.org/wiki/An\\_Introduction\\_to\\_Molecular\\_Biology](https://en.wikibooks.org/wiki/An_Introduction_to_Molecular_Biology)
3. <http://seqanswers.com/forums/index.php>
4. <https://www.biostars.org/>

## Дисциплина 4. Секвенирование 3-го поколения на OxfordNanopore

### Аннотация

Дисциплина представляет собой обзор возможностей, которые открывает перед современным исследователем нанопорное секвенирование в современной биологии и медицине. Рассмотрены основные применения высокоэффективного секвенирования 3-го поколения (3rd Generation Next-Generation Sequencing), достоинства, и недостатки существующих решений в этой области. В курсе представлены основные типы экспериментальных протоколов, используемых для секвенирования, и примеры применения нанопорного секвенирования в научных работах, а также биоинформатические подходы к анализу данных, получаемых на секвенаторах OxfordNanopore.

**Тема 1. Технология OxfordNanopore.** Введение. Сравнение возможностей секвенирования 2-го и 3-го поколения. Секвенирование длинных фрагментов. Преимущества и проблемы нанопорного секвенирования. Краткая история OxfordNanopore. Разнообразие приборов от OxfordNanopore.

**Тема 2. Протоколы, используемые OxfordNanopore.** Основные протоколы секвенирования ДНК. Баркодирование библиотек. Прямое секвенирование РНК. Выделение длинной ДНК. Подготовка ячеек к секвенированию.

**Тема 3. Лабораторный проект. Обработка данных секвенирования.** Получение геномных последовательностей. Выявление генетических вариантов. Филогенетический анализ.

### Литература

1. Bowden R, Davies RW, Heger A, et al. Sequencing of human genomes with nanopore technology. Nat Commun. 2019;10(1):1869. doi: 10.1038/s41467-019-09637-5.
2. Lu H, Giordano F, Ning Z. Oxford Nanopore MinION Sequencing and Genome Assembly. Genomics Proteomics Bioinformatics. 2016;14(5):265-279. doi: 10.1016/j.gpb.2016.05.004.
3. Jain M, Koren S, Miga KH, et al. Nanopore sequencing and assembly of a human genome with ultra-long reads. Nat Biotechnol. 2018;36(4):338-345. doi: 10.1038/nbt.4060.
4. <https://stepik.org/lesson/83335>
5. [www.pubmed.gov](http://www.pubmed.gov)

## **Дисциплина 5. Функциональная геномика**

### **Аннотация**

Цель дисциплины – ознакомление студентов с областью функциональной геномики и формирование знаний по геномике, протеомике, транскриптомике. В течение курса рассматриваются основные методы, применяемые в современной биомедицине. Работа с базами данных функциональной геномики направлена на формирование у обучающихся навыков работы с интернет-ресурсами с целью выявления необходимой информации и более оптимального дизайна экспериментов.

**Тема 5.1. Геномика. Проект «Геном человека».** Введение в геномику. Основные задачи. Структурная, функциональная и сравнительная геномика. Проект «Геном человека», цели и достижения.

**Тема 5.2. Введение в функциональную геномику.** Функциональная геномика. Подходы функциональной геномики.

**Тема 5.3. Методы функциональной геномики.** Основные методы функциональной геномики. Точечные мутации. Методы исследования.

**Тема 5.4. Базы данных функциональной геномики.** Стандарты геномных баз данных. Array Express, Gene Expression Omnibus, Database of Interacting Proteins, STRING, KEGG.

**Тема 5.5. Транскриптомика. Основные методы.** Задачи протеомики. Основные методы. Подготовка библиотек. РНК-секвенирование. Биочипы. Транскриптомика одной клетки. DropSeq, inDrop.

**Тема 5.6. Протеомика. Протеомные базы данных.** Задачи протеомики. Протеомные базы данных. Методы оценки белковых взаимодействий. Масс-спектрометрия, рентгеноструктурный анализ. ChiP-Seq, HPLC.

### **Литература**

1. Functional Genomics. Methods and Protocols. Editors: Kaufmann, Michael, Klinger, Claudia, Savelsbergh, Andreas (Eds.), 2017, ISBN 978-1-4939-7231-9.
2. Stoeckert CJ Jr. Functional genomics databases on the web. Cell Microbiol. 2005. 7(8):1053-9. doi:10.1111/j.1462-5822.2005.00553.x

3. Bikel S, Jacobo-Albavera L, Sánchez-Muñoz F, et al. A novel approach for human whole transcriptome analysis based on absolute gene expression of microarray data. PeerJ 2017;5:e4133. doi: 10.7717/peerj.4133.
4. Lowe R, Shirley N, Bleackley M, et al. Transcriptomics technologies. PLoSComputBiol 2017;13(5):e1005457. doi: 10.1371/journal.pcbi.1005457.
5. [www.pubmed.gov](http://www.pubmed.gov)

## **Дисциплина 6. Молекулярная филогенетика**

### **Аннотация**

Данная дисциплина направлена на формирование знаний относительно принципов эволюционного анализа генетической информации, теоретических основ и практических подходов к решению задач молекулярной эволюции и филогенетического анализа. В результате прохождения курса, обучающиеся приобретают умения построения молекулярных филогенетических деревьев разными методами, использование современного программного обеспечения для эволюционного анализа.

**Тема 1.** Цели, принципы и понятия молекулярной эволюции. Задачи молекулярной эволюции как науки. Нуклеотидные последовательности. Аминокислотные последовательности. Генетический код. Мутации. Нуклеотидные замены. Нуклеотидный и аминокислотный состав, использование кодонов. Эволюция нуклеотидной последовательности. Консенсусные последовательности.

**Тема 2. Выравнивание генетических последовательностей.** Цели выравнивания последовательностей. Принципы выравнивания последовательностей.

**Тема 3.** Генетические дистанции и эволюционные модели. Наблюдаемые, истинные и расчетные дистанции. Эволюционные модели и дистанции между нуклеотидными последовательностями: Аминокислотные дистанции, матрицы вероятностей аминокислотных замещений. Учет делеций и отсутствующей информации.

**Тема 4. Филогенетический анализ.** Филогенетические деревья. Дистанционные методы построения филогенетических деревьев: принципы дистанционных методов, метод UPGMA, метод трансформированной дистанции, метод минимума эволюции, метод ближайших соседей, установление длин ветвей.

**Тема 5. Основные задачи эволюционного анализа.** Рекомбинационный анализ. Анализ нуклеотидного и аминокислотного состава и использование кодонов: смещение нуклеотидного состава, различия в использовании кодонов.

**Тема 6. Компьютерные программы для эволюционного анализа.** Типы компьютерных программ. Программы для хранения и редактирования последовательностей. Международные базы генетических данных.

## Литература

1. Биохимия филогенеза и онтогенеза: Уч. пос. [Электронный ресурс] / А.А.Чиркин, Е.О.Данченко, С.Б.Бокуть; Под общ. ред. А.А.Чиркина - М.: НИЦ Инфра-М; Мн.: Нов. знание, 2012. - 288 с.: Режим доступа: <http://znanium.com/bookread.php?book=318147>  
ЭБС "Знаниум"
2. Молекулярная биология: рибосомы и биосинтез белка: учебник для студентов высших учебных заведений, обучающихся по направлению "Биология" и биологическим специальностям / А. С. Спирин. Москва: Академия, 2011, 495 с., 96 экз.
3. Молекулярная биология клетки: руководство для врачей / Джеральд М. Фаллер, Деннис Шилдс; пер. с англ. под общ. ред. акад. И. Б. Збарского, Москва: Бином-Пресс, 2012, 256 с., 10 экз.
4. [www.pubmed.gov](http://www.pubmed.gov)
14. Лицам, успешно освоившим соответствующую дополнительную профессиональную программу и прошедшим итоговую аттестацию, выдается диплом о профессиональной переподготовке.
15. Программа составлена кафедрой биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии и одобрена Советом Института биомедицины и фармации РАУ.