|  |
| --- |
| Кафедра естествознания и географииУТВЕРЖДАЮПроректорпо учебной воспитательной работед.фил.н., профессор\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ Т.В. Мальцева «\_\_\_\_» \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_20\_\_\_ г.**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА** **дисциплины*****Б1.В.ДВ.04.02*****БИОИНФОРМАТИКА****Направление подготовки – 19.04.01 Биотехнология****Магистерская программа** ***Г***[***еномика, молекулярная генетика и биоинформатика***](http://lengu.ru/sveden/educationProgramm/164?d=)г. Санкт-Петербург2017 г. |

**Лист согласований рабочей программы**

|  |
| --- |
| Рабочая программа дисциплины составлена в соответствии с требованиями:- ФГОС ВО по направлению подготовки 19.04.01 «Биотехнология» (уровень магистратуры) утвержденного приказом Министерства образования и науки от 21.11.2014 г. № 1495,- Приказа Минобрнауки России от 05.04.2017 N 301 "Об утверждении Порядка организации и осуществления образовательной деятельности по образовательным программам высшего образования - программам бакалавриата, программам специалитета, программам магистратуры;- учебного плана ГАОУ ВО ЛО «Ленинградский государственный университет имени А.С. Пушкина» по направлению **19.04.01 Биотехнология** |

**Составитель**: н.с., к.б.н. каф. ЕиГ Краснобаева И.Л.

Рассмотрено на заседании кафедры естествознания и географии 28.08.2017 г. (протокол №1, от «28» августа 2017 г.).

Заведующий кафедрой естествознания и географии \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ Силина Н.И.

Рабочая программа соответствует требованиям к содержанию, структуре, оформлению.

Согласовано:

Зав.библиотекой \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ М.Е.Харитонова

Рекомендовано к использованию в учебном процессе

**1. ПЕРЕЧЕНЬ ПЛАНИРУЕМЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ**

Процесс изучения дисциплины направлен на формирование следующих компетенций:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| №пп | Индекс компетенции | Содержание компетенции (или ее части) | Индикаторы компетенций (код и содержание) |
| **1.** | ПК-1 | Готов к планированию, организации и проведению научно-исследовательских работ в области биотехнологии, способен проводить корректную обработку результатов экспериментов и делать обоснованные заключения и выводы | ПК-1.1 Владеет навыками применения профессиональных теоретических и практических знаний для планирования, организации и проведения исследований в области биотехнологии, способен корректно оценивать результаты экспериментов и делать научно-обоснованные выводы и заключения. |

**2. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ:**

Цель дисциплины: ознакомить с современными научных достижениями и методах в области биоинформатики.

Задачи:

* формирование комплексного подхода к вопросам на стыке биологической и компьютерной областей на основе естественнонаучного мировоззрения и компьютерной грамотности;
* формирование представления о методах, используемых в биоинформатике;
* получение навыков реализации научных исследований в области биоинформатики;
* формирование умений интерпретации результатов исследований для обоснования принятия решений;
* овладение навыками применения методов биоинформатики в биотехнологическом производстве.

Дисциплина «Биоинформатика» реализуется в рамках вариативной части Блока 1 «Дисциплины (модули)» программы магистратуры, относится к дисциплинам по выбору, определяет направленность, является обязательной для освоения обучающихся.

Дисциплина связана с другими дисциплинами: «Информационные технологии в науке и образовании», «Математические методы в биологии». После изучения дисциплины, обучающиеся смогут использовать сформированные компетенции в процессе изучения дисциплины «Геномные, транскриптомные и протеомные базы данных» и выполнения выпускной квалификационной работы (ВКР)

**3. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДОВ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ**

Общая трудоемкость освоения дисциплины составляет 3 зачетных единицы, 108 часов.

*(1 зачетная единица соответствует 36 академическим часам)*

Очная форма обучения

|  |  |
| --- | --- |
| Вид учебной работы | Трудоемкость в акад. час |
| **Контактная работа (аудиторные занятия) (всего**): | 52 |
| В том числе: |  |
| Лекции | 14 |
| Лабораторные занятия (в т.ч. зачет) | 38 |
| **Самостоятельная работа (всего)** | 56 |
| **Вид промежуточной аттестации (зачет)** |  |
| Общая трудоемкость дисциплины (час/з.е.) | 108/3 |

* Зачет проводится на последнем занятии.

**4. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

При проведении учебных занятий обеспечивается развитие у обучающихся навыков командной работы, межличностной коммуникации, принятия решений, лидерских качеств (включая при необходимости проведение интерактивных лекций, групповых дискуссий, ролевых игр, тренингов, анализ ситуаций и имитационных моделей, составленных на основе результатов научных исследований, проводимых организацией, в том числе с учетом региональных особенностей профессиональной деятельности выпускников и потребностей работодателей).

**4.1. Содержание разделов и тем**

**Тема 1.** Биология in silico: от истоков до наших дней. Основные объекты, цели и средства биоинформатики. Предпосылки к возникновению и развитию биоинформатики. Геном человека, его общие сравнительные характеристики. Современные «постгеномные» проекты. Основные предназначения биоинформационного анализа. Главные ресурсы по биоинформатике нуклеиновых кислот и белков. Сравнение последовательностей – важнейший инструмент биоинформационного анализа. Моделирование пространственных структур белков (белковый фолдинг). Биологические последовательности и молекулярная филогения.

**Тема 2.** ДНК – полимер кодирующий жизнь. Вычислительная геномика – базолвая составляющая биоинформаики. Секвенирование ДНК и компьютерный анализ генетической информации. Геномика и здоровье человека. Физические размеры геномной ДНК, основные типы биоинформационных баз данныз. Метагеномика – обширная геномная информация из окружающей среды. Сравнительный анализ молекулярных последовательностей. Мноественное выравнивание последовательностей – основа структурного и филогенетического анализа.

**Тема 3.** PubMed/Medline – важнейшие биоинформационные ресурсы. UniProt – лучшая отправная точка для получения представлений о белках и их генах. Основное содержание записи UniProt. Отыскание последовательностей ДНК – GenBank, как «запоминающее устройство» молекулярной биологии. Основное содержание записи GenBank. Поиск похожих последовательностей с использованием технологии BLAST. Множественные выравнивания последовательностей.

**Тема 4.** Биология in silico на основе технологии BLAST. Интерактивный поиск отдаленно-родственных гомологов с использованием программы PSI-BLAST. Попарные сравнения биологических последовательностей. Метод точечных матриц. Программа Dotlet. Расширенный дот-плот анализ последовательностей. Попарные выравнивания последовательностей. Локальные выравнивания с программами BLAST и Lalign. Множественные выравнивания последовательностей (МВП) и задачи, решаемые с их использованием. Выбор последовательностей, подходящих для реализации методов МВП.

**Тема 5.** Варианты представления множественных выравниваний последовательностей (МВП) для анализа их деталей. Общие рекомендации по работе с МВП. Форматы МВП и их преобразования. Редактирование и анализ МВП с помощью программы Jalview. Подготовка МВП к опубликованию с помощью программы Boxshade. Визуализация МВП в виде логотипа. Предсказание структуры белка по его последовательности. Белковый банк данных PDB и его ресурсы.

**Тема 6**. Толкование термина «data reduction», применяемого в биоинформатике. Предсказание 3D структуры белка методом гомологичного моделирования. Выяснение особенностей строения белка по результатам гомологичного моделирования его 3D структуры. Автоматизированное гомологичное моделирование с использованием сервера SWISS-MODEL. Альтернативные методы моделирования структуры и свойств белов. Биоинформационный анализ РНК. Предсказание Вторичной структуры РНК.

**Тема 7.** Аннотация геномов. Понятие о COG. Признаки гена в последовательности ДНК. Факторы транскрипции и сайты связывания. Стандартные методы и алгоритмы предсказания белков. Протеогеномный подход к проверке предсказаний. Интересные случаи исследования белков в экстремофилах. Понятие доменов в структуре белков.

**Тема 8.** Понятие транскриптомики. Варианты получения данных о транскриптах. Tilling arrays или NGS. Представление о некодирующих РНК, их классификация, участие в передаче информации.

**Тема 9.** Понятие метаболомики. Метаболиты в клетке. Оценка достоверности данных о метаболитах. Использование баз по метаболитам и метаболические реконструкции. Сравнительная метаболомика.

**Тема 10.** Сравнительные геномика и протеомика. Филогенетические деревья. Выявление минимального ядра жизненноважных функций.

**Тема 11.** Понятие протеогеномики. Уточнение предсказаний и аннотаций. Вторичные структуры ДНК и РНК и их участие в регуляции клеточных процессов.

**Тема 12.** Поиск в базах данных некодирующих РНК (т-РНК, микро-РНК, рибосомальные РНК). Цели и задачи молекулярной филогении. Подготовка данных для молекулярно-филогенетического анализа. Основные методы построения филогенетических деревьев. Построение филогенетических деревьев с использованием алгоритма объединения соседей в программах ClustW и Phylip. Интерпретация результатов филогенетического анализы и оценка его качества с применением бустрепинга. Построение филогенетических деревьев с использованием алгоритма максимального правдоподобия в программе PhyML.

**Тема 13. Анализ структуры белков.**

Вторичные, третичные и четвертичные структуры белков. База структур PDB.

**4.2. Примерная тематика курсовых работ (проект)**

Курсовая работа по дисциплине не предусмотрена учебным планом.

**4.3. Перечень занятий, проводимых в активной и интерактивной формах, обеспечивающих развитие у обучающихся навыков контактной работы, межличностной коммуникации, принятия решений, лидерских качеств.**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| № п/п | наименование блока (раздела) дисциплины | Форма проведения занятия |
| 1 | **Тема 7.** Анализ геномной и протеомной информации. | Участие в семинаре «Биобанки и трансляционная медицина: современное состояние и перспективы» |

**5. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДЛЯ САМОСТОЯТЕЛЬНОЙ РАБОТЫ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ДИСЦИПЛИНЕ**

**5.1. Темы конспектов:**

1. Биологические основы биоинформатики.
2. Геном человека и современные пректы
3. Накопление данных в области молекулярной генетики.
4. Бластинг последовательностей нуклеиновых кислот и белков
5. Конструирование праймеров для ПЦР
6. Использование доменов для предсказания структуры и функций белков.
7. Методы предсказания 3D структуры белков.
8. Транскриптомика.
9. Метаболомика.
10. Сравнительный подход в биоинформатике.
11. Протеогеномика. Анализ структуры белков. Метагеномика.
12. Пакет программ биоинформационного анализа.

**5.2 Темы лабораторных занятий**

|  |  |
| --- | --- |
| Тема 2. Главные объекты, средства и приёмы биоинформационного анализа  | Компьютерное оборудование и программное обеспечение в биоинформатике. |
| Тема 3. Базы данных, генетических и белковых последовательностей, их использование для изучения отдельных молекул ДНК и белков, клеточных метаболитов. | PubMed/Medline, UniProt и GenBank – важнейшие биоинформационные ресурсы. |
| Тема 4. Сходство между биологическим последовательностями, его значение для прогнозирования структуры и свойств изучаемых молекул, эволюционных связей между биологическими видами; попарные, локальные и глобальные выравнивания последовательностей, основы технологии BLAST.  | Работа с пакетом программ BLAST. |
| Тема 5. Множественные выравнивания последовательностей (МВП), задачи, решаемые с их использованием; значение МПВ для изучения структурно-функциональных свойств биологических молекул и молекулярной филогении. | Структура биомолекул и биологических последовательностей. Полные геномы организмов. |
| Тема 6. 2D и 3D структуры нуклеиновых кислот и белков; белковый фолдинг, методы его биоинформационного и вычислительного моделирования. | Автоматизированное гомологичное моделирование с использованием сервера SWISS-MODEL |
| Тема 7. Анализ геномной и протеомной информации. | Принципиальные отличия геномной организации про- и эукариот. Исследование генома человека с использованием базы данных и геномного браузера ENSEMBL |
| Тема 8. Транскриптомика. | Знакомство с методами получения данных о транскриптах. |
| Тема 9. Метаболомика. | Работа с базами данных метаболитов. |
| Тема 10. Сравнительный подход в биоинформатике. | Построение филогенетических деревьев. |
| Тема 11. Протеогеномика. | Использование доменов для предсказания функций белков. Сходство, идентичность и гомология последовательностей.  |
| Тема 12. Не кодирующие РНК, их роль в регуляции работы генов и филологических исследованиях; молекулярная филогения как средство изучения эволюционных взаимосвязей между биологическими видами; значение биоинформатики для развития современных биотехнологий. | Вторичные структуры ДНК и РНК. Учет их влияния на информационные процессы при работе с нуклеотидными последовательностями. |
| Тема 13. Анализ структуры белка | Посттрансляционные модификации в созревании белков. |

**5.3. Вопросы для подготовки к коллоквиуму:**

1. Основные объекты, цели и средства биоинформатики. Главные ресурсы по биоинформатике нуклеиновых кислот и белков.
2. Геномные библиотеки.
3. Полимеразная цепная реакция (ПЦР).
4. Секвенирование ДНК и компьютерный анализ генетической информации.
5. Сборка сиквенсов геномов.
6. Понятие геномики.
7. Понятие транскриптомики.
8. Понятие протеомики.
9. Повторяющиеся и уникальные последовательности ДНК.
10. Композиционная гетерогенность геномов.
11. Геномные базы данных.
12. PubMed/Medline, UniProt и GenBank – важнейшие биоинформационные ресурсы.
13. Понятие функциональной геномики.
14. Принципиальные отличия геномной организации про- и эукариот.
15. Регуляторные элементы генома.
16. Профилирование экспрессии генов.
17. Посттрансляционные модификации в созревании белков.
18. Белковые семейства
19. Принципы организации биологических баз данных.
20. Общие и частные базы данных.
21. Эпигеномные базы данных.
22. Сравнение сиквенсов и сравнительная геномика in silico.
23. Дизайн праймеров для профилирования экспрессии генов.
24. Транскрипция
25. Трансляция.
26. Проект геном человека.
27. Неразрешенные задачи в области сиквенирования.
28. Разнообразие методов получения МВП
29. Пакеты биоинформационных программ и алгоритмов.
30. Технология BLAST в поиске гомологий.
31. Публичные базы данных и инструментарий.
32. Средства мониторинга и поиска публикаций.
33. Понятие индексов цитируемости и мировые научные сети.
34. Признаки гена в последовательности ДНК.
35. Факторы транскрипции и сайты связывания.
36. Стандартные методы и алгоритмы предсказания 3D структуры белков методом гомологичного моделирования.
37. Понятие доменов в структуре белков.
38. Представление о некодирующих РНК, их классификация, участие в передаче информации.
39. Понятие метаболомики.
40. Сравнительные геномика и протеомика.
41. Основные методы построения филогенетических деревьев.
42. Интерпретация результатов филогенетического анализа и оценка его качества.
43. Понятие протеогеномики.

**6. ОЦЕНОЧНЫЕ СРЕДСТВА ДЛЯ ТЕКУЩЕГО КОНТРОЛЯ УСПЕВАЕМОСТИ**

**6.1 Текущий контроль**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| №пп | № и наименование блока (раздела) дисциплины | Форма текущего контроля |
|  | Тема 1. Общие цели и задачи биоинформационного анализа, основные направления и характерные примеры применения в биотехнологических исследованиях  | Устный опрос в виде коллоквиумаПроверка конспектовОтчет о результатах выполнения лабораторных занятийРешение типовых задач |
|  | Тема 2. Главные объекты, средства и приёмы биоинформационного анализа  |
|  | Тема 3. Базы данных, генетических и белковых последовательностей, их использование для изучения отдельных молекул ДНК и белков, клеточных метаболитов. |
|  | Тема 4. Сходство между биологическим последовательностями, его значение для прогнозирования структуры и свойств изучаемых молекул, эволюционных связей между биологическими видами; попарные, локальные и глобальные выравнивания последовательностей, основы технологии BLAST.  |
|  | Тема 5. Множественные выравнивания последовательностей (МВП), задачи, решаемые с их использованием; значение МПВ для изучения структурно-функциональных свойств биологических молекул и молекулярной филогении. |
|  | Тема 6. 2D и 3D структуры нуклеиновых кислот и белков; белковый фолдинг, методы его биоинформационного и вычислительного моделирования. |
|  | Тема 7. Анализ геномной и протеомной информации. |
|  | Тема 8.Транскриптомика. |
|  | Тема 9. Метаболомика. |
|  | Тема 10. Сравнительный подход в биоинформатике. |
|  | Тема 11.Протеогеномика. |
|  | Тема 12. Не кодирующие РНК, их роль в регуляции работы генов и филологических исследованиях; молекулярная филогения как средство изучения эволюционных взаимосвязей между биологическими видами; значение биоинформатики для развития современных биотехнологий.  |
|  | Тема 13. Анализ структуры белков. |

**6.2. Примеры оценочных средств для текущего контроля по дисциплине**

**Темы конспектов:**

Представлены в п. 5.1

**Темы лабораторных** **занятий:**

Представлены в п. 5.2

**Вопросы для подготовки к коллоквиуму:**

Представлены в п. 5.3

**Решение типовых задач**

**Задача 1.** Отредактировать в программе BioEdit заданную хроматограмму в формате ab1.

**Задача 2.** Сравнить заданную последовательность с референсными последовательностями из банка данных NCBI.

**Задача 3.** На материале задач 1-2 построить матрицу множественного сравнения.

**Задача 4.** На материале задач 1-4 построить филогенетические деревья различными способами. Проанализировать результаты.

**7. ПЕРЕЧЕНЬ ОСНОВНОЙ И ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ УЧЕБНОЙ ЛИТЕРАТУРЫ:**

**7.1. Основная литература**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| № п/п | Наименование | Авторы | Место издания | Год издания | Наличие |
| Печатные издания | в ЭБС, адрес в сети Интернет |
| 1. | Системная компьютерная биология: монография | Колчанов Н.А., Лихошвай В.А., Гончаров С.С., Иванисенко В.А. | Издатель: Сибирское отделение Российской академии наук | 2008 |  | [http://biblioclub.ru](http://biblioclub.ru/index.php?page=book_red&id=97735&sr=1) |
|  2. | Вероятность и статистика в примерах и задачах. Т. 1. Основные понятия теории вероятностей и математической статистики | Кельберт М. Я. , Сухов Ю. М. | М.: МЦНМО | 2010 |  | [http://biblioclub.ru](http://biblioclub.ru/index.php?page=book_red&id=69109&sr=1) |
| 3. | Введение в биоинформатику: учебное пособие [для студ. ун-тов и науч. раб.] | Артур Леск ; пер. с англ. под ред. А. А. Миронова , В. К. Швядоса | Москва : БИНОМ. Лаборатория знаний | 2015 | + |  |

**7.2. Дополнительная литература**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| № п/п | Наименование | Авторы | Место издания | Год издания | Наличие |
| Печатные издания | в ЭБС, адрес в сети Интернет |
| 1. | Системная компьютерная биология: монография | Редактор: Колчанов Н.А., Лихошвай В.А., Гончаров С.С., Иванисенко В.А.  | Новосибирск: Сибирское отделение Российской академии наук | 2008 |  | [http://biblioclub.ru](http://biblioclub.ru/index.php?page=book_red&id=97735&sr=1) |
| 2. | Математические методы в биологии | Иванов В.И. | Кемерово: Кемеровский государственный университет | 2012 |  | [http://biblioclub.ru](http://biblioclub.ru/index.php?page=book_red&id=232506&sr=1) |
| 3. | Численные методы: теория и практика: учебное пособие для бакалавров: | У. Г. Пирумов | Москва : Юрайт | 2012 | + |  |

**8. РЕСУРСЫ ИНФОРМАЦИОННО-ТЕЛЕКОММУНИКАЦИОННОЙ СЕТИ «ИНТЕРНЕТ»**

Центр геномной биоинформатики им. Ф.Г. Добржанского – режим доступа: <http://dobzhanskycenter.bio.spbu.ru/ru>

Официальный сайт МГУ факультета биологии – режим доступа: <http://chembaby.com/mmb/>

Blackboard Learn (программное обеспечение):

<https://prof.lengu.ru>.

***Электронно-библиотечная система «Библиоклуб». — Режим доступа:*** [***http://www.biblioclub.ru/***](http://www.biblioclub.ru/)

***Научная электронная библиотека Elibrary.ru. — Режим доступа:*** [***https://elibrary.ru/defaultx.asp***](https://elibrary.ru/defaultx.asp)

**9. МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ ДЛЯ ОБУЧАЮЩИХСЯ ПО ОСВОЕНИЮ ДИСЦИПЛИНЫ:**

Важнейшим условием успешного освоения материала является планомерная работа обучающегося в течение всего периода изучения дисциплины, поэтому подготовку к итоговому зачету или экзамену по дисциплине следует начинать с первого занятия. Обучающемуся следует ознакомиться со следующей учебно-методической документацией: программой дисциплины; перечнем знаний и умений, которыми обучающийся должен владеть; тематическими планами лекций, практических занятий; видами текущего контроля; учебником, учебными пособиями по дисциплине; электронными ресурсами по дисциплине; перечнем экзаменационных вопросов /вопросов к зачету.

***Подготовка к лекционным занятиям***

В ходе лекций преподаватель излагает и разъясняет основные и наиболее сложные понятия темы, а также связанные с ней теоретические и практические проблемы, дает рекомендации по подготовке к практическим занятиям и самостоятельной работе. В ходе лекционных занятий обучающемуся следует вести конспектирование учебного материала.

С целью обеспечения успешного обучения обучающийся должен готовиться к лекции, она является важнейшей формой организации учебного процесса, поскольку:

− знакомит с новым учебным материалом;

− разъясняет учебные элементы, трудные для понимания;

− систематизирует учебный материал;

− ориентирует в учебном процессе.

При подготовке к лекции необходимо:

− внимательно прочитать материал предыдущей лекции;

− узнать тему предстоящей лекции (по тематическому плану, по рабочей программе дисциплины);

− ознакомиться с учебным материалом лекции по рекомендованному учебнику и учебным пособиям;

− уяснить место изучаемой темы в своей профессиональной подготовке;

− записать возможные вопросы, которые обучающийся предполагает задать преподавателю.

***Подготовка к практическим (семинарским) занятиям, лабораторным занятиям***

Этот вид самостоятельной работы состоит из нескольких этапов:

1) повторение изученного материала. Для этого используются конспекты лекций, рекомендованная основная и дополнительная литература;

2) углубление знаний по теме. Необходимо имеющийся материал в конспектах лекций, учебных пособиях дифференцировать в соответствии с пунктами плана практического занятия. Отдельно выписать неясные вопросы, термины. Лучше это делать на полях конспекта лекции;

3) выполнение практических заданий, упражнений, проверочных тестов, составление словаря терминов, развернутого плана сообщения и т.д.

При подготовке к практическому занятию рекомендуется с целью повышения их эффективности:

* уделять внимание разбору теоретических задач, обсуждаемых на лекциях;
* уделять внимание краткому повторению теоретического материала, который используется при выполнении практических заданий;
* осуществлять регулярную сверку домашних заданий;
* ставить проблемные вопросы, по возможности использовать примеры и задачи с практическим содержанием;
* включаться в используемые при проведении практических занятий активные и интерактивные методы обучения;
* развивать предметную интуицию.

При разборе примеров в аудитории или при выполнении домашних заданий целесообразно каждый шаг обосновывать теми или иными теоретическими положениями.

Для обеспечения систематической и регулярной работы по изучению дисциплины и успешного прохождения промежуточных и итоговых контрольных испытаний обучающемуся рекомендуется придерживаться следующего порядка обучения:

1) определить объем времени, необходимого для проработки каждой темы, ориентируясь на распределение часов, приведенное в основной части настоящей рабочей программы;

2) регулярно изучать каждую тему дисциплины, используя различные формы индивидуальной работы;

3) согласовывать с преподавателем виды работы по изучению дисциплины;

4) по завершении отдельных тем своевременно передавать выполненные индивидуальные работы преподавателю.

***Организация самостоятельной работы***

Для теоретического и практического усвоения дисциплины большое значение имеет самостоятельная работа обучающихся, которая может осуществляться индивидуально и под руководством преподавателя. Самостоятельная работа обучающегося является основным средством овладения учебным материалом во время, свободное от обязательных учебных занятий, что предполагает самостоятельное изучение отдельных тем, дополнительную подготовку к каждому семинарскому, практическому и лабораторному занятию. Самостоятельная работа обучающихся является важной формой образовательного процесса. Она реализуется непосредственно в ходе аудиторных занятий, в контактной работе с преподавателем вне рамок расписания, а также в библиотеке, при выполнении обучающимся учебных заданий.

Цель самостоятельной работы обучающихся состоит в научении осмысленно и самостоятельно работать сначала с учебным материалом, затем с научной информацией. Правильно организованная самостоятельная работа позволяет заложить основы самоорганизации и самовоспитания с тем, чтобы привить умение в дальнейшем непрерывно повышать свою квалификацию, что будет способствовать формированию профессиональных компетенций на достаточно высоком уровне. При изучении дисциплины организация самостоятельной работы обучающихся представляет собой единство трех взаимосвязанных форм:

1) внеаудиторная самостоятельная работа;

2) аудиторная самостоятельная работа, которая осуществляется под непосредственным руководством преподавателя при проведении практических занятий и во время чтения лекций;

3) творческая, в том числе научно-исследовательская работа. Это вид работы предполагает самостоятельную подготовку отчетов по выполнению практических заданий, подготовку презентаций, эссе, сообщений и т.д.

На практических занятиях необходимо выполнять различные виды самостоятельной работы (в том числе в малых группах), что позволяет ускорить формирование профессиональных умений и навыков.

***Подготовка к экзамену (зачету)***

Завершающим этапом изучения дисциплины является сдача зачета или экзамена в соответствии с учебным планом, при этом выясняется усвоение основных теоретических и прикладных вопросов программы и умение применять полученные знания к решению практических задач. При подготовке к экзамену учебный материал рекомендуется повторять по учебнику и конспекту. Зачет или экзамен проводится в назначенный день, по окончании изучения дисциплины. Во время контрольного мероприятия преподаватель учитывает активность работы обучающегося на аудиторных занятиях, качество самостоятельной работы, результативность контрольных работ, тестовых заданий и т.д.

**10. ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ, ИСПОЛЬЗУЕМЫЕ ПРИ ОСУЩЕСТВЛЕНИИ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПО ДИСЦИПЛИНЕ**

**10.1. Требования к программному обеспечению учебного процесса**

Для успешного освоения дисциплины, обучающийся использует следующие программные средства:

* **Windows 10 x64**
* **Microsoft Office 2016**

**10.2 Информационно-справочные системы**

Информационно справочная правовая система «Гарант»

**11. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ:**

Для проведения занятий лекционного типа предлагаются наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий, обеспечивающие тематические иллюстрации, соответствующие примерным программам дисциплин (модулей), рабочим учебным программам дисциплин (модулей).

Перечень необходимых материально-технических средств обучения, используемых в учебном процессе преподавателем на занятиях для освоения обучающимися дисциплины:

Компьютер преподавателя, столы и стулья для обучающихся, стол и стул преподавателя, наборы демонстрационного оборудования и учебно-наглядных пособий

Компьютеры для обучающихся с подключением к сети "Интернет" и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду.