

**МІНІСТЕРСТВО ОХОРОНИ ЗДОРОВ'Я УКРАЇНИ
ПОЛТАВСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ МЕДИЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**

УЗГОДЖЕНО:

Гарант освітньо-наукової програми
«**Медицина**»
професор *М. Кайдашев* І. Кайдашев

Гарант освітньо-наукової програми
«**Стоматологія**»

професор *І. Ткаченко* І. Ткаченко

Гарант освітньо-наукової програми
«**Педіатрія**»

професор *В. Похилько* В. Похилько

Гарант освітньо-наукової програми
«**Громадське здоров'я**»

професор *І. Голованова* І. Голованова

Гарант освітньо-наукової програми
«**Біологія**»

професор *С. Білаш* С. Білаш

Заслухано на засіданні Вченої ради
ПДМУ

«*30*» *листопада* 2022 року,
протокол №

Секретар Вченої ради

доцент *В. Філатова* В. Філатова

«ЗАТВЕРДЖУЮ»

Проректор ЗВО з наукової роботи
ПДМУ
професор *І. Кайдашев* І. Кайдашев
«*30*» *листопада* 2022 року



**СИЛАБУС
БІОІНФОРМАТИКА**

**для здобувачів освіти третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти, які
навчаються за освітньо-науковими програмами «Медицина»,
«Стоматологія», «Педіатрія», «Громадське здоров'я», «Біологія»**



СИЛАБУС

навчальної дисципліни

Біоінформатика

Освітньо-наукові програми	«Медицина» (режим доступу: https://www.pdmu.edu.ua/n-process/department-npr/onp/medical), «Стоматологія» (режим доступу: https://www.pdmu.edu.ua/n-process/department-npr/onp/stomat), «Педіатрія» (режим доступу: https://www.pdmu.edu.ua/n-process/department-npr/onp/pediatr), «Громадське здоров'я» (режим доступу: https://www.pdmu.edu.ua/n-process/department-npr/onp/publik-health), «Біологія» (режим доступу: https://www.pdmu.edu.ua/n-process/department-npr/onp/biology)
Галузі знань	22 – Охорона здоров'я, 09 – Біологія
Спеціальності	222 – Медицина, 221 – Стоматологія, 228 – Педіатрія, 229 – Громадське здоров'я, 091 – Біологія
Курс	1
Семестр	2
Обсяг дисципліни, кредити ЄКТС/години	1/30
Мова викладання	Українська
Предмет вивчення	Комплекс підходів до аналізу результатів біологічних експериментів
Мета	Мета вивчення дисципліни «Біоінформатика»: навчити аспірантів орієнтуватися в сучасних концепціях біоінформатики, дати цілісне уявлення про структуру та методи аналізу біологічних послідовностей, структуру та методи аналізу просторових структур біологічних молекул, сформувати у аспірантів цілісний і системний погляд на організацію біологічної інформації на молекулярному рівні.
Зв'язок з іншими дисциплінами	Місце дисципліни визначається його структурно-логічним зв'язком з іншими дисциплінами, зокрема: інформатикою, прикладною математикою, статистикою, біохімією, біофізикою, екологією, генетикою та іншими.
Форми навчання	Очна (денна, вечірня), заочна.
Результати	У результаті вивчення навчальної дисципліни аспірант

навчання	<p>повинен:</p> <p>знати: основні концепції аналізу біологічних текстів, основні концепції відтворення і аналізу просторової організації біомолекул, основи організації цілих геномів та методи їх порівняльного аналізу;</p> <p>вміти: аналізувати та порівнювати біологічні тексти, працювати з банками даних біологічних послідовностей і просторових структур, здійснювати парне та множинне вирівнювання послідовностей, проводити філогенетичний аналіз, працювати зі спеціальними програмними комплексами, вміти цілісно і системно мислити.</p>																																																			
Види занять	Лекційні та практичні заняття, самостійна робота, консультації.																																																			
Структура дисципліни	<table border="1" data-bbox="499 712 1509 1285"> <thead> <tr> <th rowspan="3">Назви тем</th> <th colspan="4">Кількість годин</th> </tr> <tr> <th rowspan="2">Усього</th> <th colspan="3">у тому числі</th> </tr> <tr> <th>Лекції</th> <th>Практичні</th> <th>СР</th> </tr> <tr> <th>1</th> <th>2</th> <th>3</th> <th>4</th> <th>5</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Тема 1. Введення в біоінформатику. Біоінформатика послідовностей</td> <td>4</td> <td>2</td> <td>-</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>Тема 2. Вирівнювання біологічних послідовностей. Філогенетичний аналіз</td> <td>8</td> <td>2</td> <td>4</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>Тема 3. Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності</td> <td>4</td> <td>2</td> <td>-</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>Тема 4. Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних</td> <td>10</td> <td>2</td> <td>6</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>Тема 5. Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки</td> <td>4</td> <td>2</td> <td>-</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>Усього годин</td> <td>30</td> <td>10</td> <td>10</td> <td>10</td> </tr> </tbody> </table>					Назви тем	Кількість годин				Усього	у тому числі			Лекції	Практичні	СР	1	2	3	4	5	Тема 1. Введення в біоінформатику. Біоінформатика послідовностей	4	2	-	2	Тема 2. Вирівнювання біологічних послідовностей. Філогенетичний аналіз	8	2	4	2	Тема 3. Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності	4	2	-	2	Тема 4. Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних	10	2	6	2	Тема 5. Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки	4	2	-	2	Усього годин	30	10	10	10
Назви тем	Кількість годин																																																			
	Усього	у тому числі																																																		
		Лекції	Практичні	СР																																																
1	2	3	4	5																																																
Тема 1. Введення в біоінформатику. Біоінформатика послідовностей	4	2	-	2																																																
Тема 2. Вирівнювання біологічних послідовностей. Філогенетичний аналіз	8	2	4	2																																																
Тема 3. Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності	4	2	-	2																																																
Тема 4. Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних	10	2	6	2																																																
Тема 5. Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки	4	2	-	2																																																
Усього годин	30	10	10	10																																																
Методи навчання	<p>Проблемне навчання; дослідницьке навчання; лекція; бесіда; розповідь; пояснення; практичні роботи; самостійна робота під керівництвом викладача; самостійна домашня робота; перегляд навчальних кінофільмів; наочні методи (ілюстрації, демонстрації); підготовка рефератів; опитування думок студентів; аналіз ситуацій, дискусії; дебати; мозковий штурм; робота в групах; робота з додатками, комп'ютерними програмами, віртуальними словниками, інтерактивними картами та іншими ресурсами; вправи; творчі роботи; індивідуальне і групове консультування; відеозаписи лекцій і практичних занять; вікторини; бліц-опитування; спільна робота студентів і викладача з додатками, комп'ютерними програмами; самостійне вивчення проблеми в науковій літературі; складання планів, конспектів.</p>																																																			
Форми та методи оцінювання	Поточне, тематичне, семестрове оцінювання, підсумковий модульний контроль, залік.																																																			
Система	Контроль здійснюється за модульно-рейтинговою системою <i>При цьому, кількість балів:</i>																																																			

оцінювання

1-34 відповідає оцінці «F» з обов'язковим повторним вивченням дисципліни;
 35-59 відповідає оцінці «F_x» з можливістю повторного складання;
 60-64 відповідає оцінці «E» («достатньо»);
 65-74 відповідає оцінці «D»;
 75 - 84 відповідає оцінці «C»;
 85 - 89 відповідає оцінці «B» («дуже добре»);
 90 - 100 відповідає оцінці «A».

Для здобувачів, які набрали сумарно меншу кількість балів ніж критично-розрахунковий мінімум – 60 балів, для одержання заліку обов'язковим є виконання умов, що висуваються викладачем.

Шкала відповідності:

За 100 – бальною шкалою		За чотирибальною шкалою	
A	90 – 100	5	відмінно
B	85 – 89	4	добре
C	75 – 84		
D	65 – 74	3	задовільно
E	60 – 64		
F _x	35 – 59	2	не задовільно
F	1 – 34		

Матеріально-технічне та/або інформаційне забезпечення

Вивчення дисципліни, окрім іншого, забезпечується з допомогою системи дистанційного навчання Полтавського державного медичного університету (режим доступу: <https://moodle.pdmu.edu.ua/>). У системі містяться авторські лекції к.пед.н. Мороховець Г. Ю., інтерактивні тести до цих лекцій, інтерактивні практичні заняття, підбірки корисних навчальних відео-матеріалів та навчальної літератури.

Вивчення дисципліни забезпечується також навчальним посібником:

Мороховець Г. Ю. Біоінформатика. Вступний курс. / Г. Ю. Мороховець, О. В. Сілкова // Навчальний посібник. – Полтава: Видавець Шевченко Р. В., 2017.

Інформаційна підтримка здобувачів під час вивчення дисципліни забезпечується наступним:

- відкритим доступом до міжнародних наукометричних баз даних Scopus, Web of Science, Science Direct;
- доступом до ліцензійного програмного забезпечення Strikeplagiarism для перевірки всіх видів навчальних робіт на наявність в них неправомірних запозичень;
- випуском 5 журналів, що входять до Переліку наукових фахових видань МОН України, що забезпечують і можливість проведення літературного пошуку, ознайомлення з методами досліджень повідних вчених ПДМУ, і можливість опублікування власних результатів наукової роботи.

Рекомендована література

1. Кайдашев І. П. Вплив пептидного комплексу нирок на процеси імунітету та неспецифічної резистентності за умов полікомпонентної імунопатології / І. П. Кайдашев // Вісник проблем біології і медицини. – 1998. – № 11. – с. 63-67.
2. Kaidashev I, Morokhovets H, Rodinkova V, DuBuske L, Bousquet J. Assessment of Google

- Trends terms reporting allergies and the grass pollen season in Ukraine. *World Allergy Organ J* 2020;13(10).
3. Kaidashev I, Morokhovets H, Rodinkova V, Bousquet J. Patterns in Google Trends Terms Reporting Rhinitis and Ragweed Pollen Season in Ukraine. *Int Arch Allergy Immunol* 2019;178(4):363-369.
 4. Morokhovets, H., & Kaidashev, I. (2022). A MATHEMATICAL MODEL FOR PROGNOSIS OF THE COVID-19 INCIDENCE IN UKRAINE USING GOOGLE TRENDS RESOURCES IN REAL-TIME AND FOR THE FUTURE PERIOD. *The Medical and Ecological Problems*, 26(3-4), 3-10. <https://doi.org/10.31718/mep.2022.26.3-4.01>.
 5. Kaidashev, I., Morokhovets, H., Rodinkova, V., Bilous, O., DuBuske, L. M., & Bousquet, J. (2020). PATTERNS IN GOOGLE TRENDS TERMS REPORTING RHINITIS AND ALTERNARIA SEASON IN UKRAINE. *The Medical and Ecological Problems*, 24(5-6), 3-6. <https://doi.org/10.31718/mep.2020.24.5-6.01>
 6. Wu S, Haltom J, Zhao W, Yang J, Zhou Z, Gu X. Evolution and functional divergence of the ERBB receptor family. *Pharmacogenomics*. 2021 Jun;22(8):473-484. doi: 10.2217/pgs-2020-0158. Epub 2021 May 26. PMID: 34036795.
 7. Chang TJ, Yang DM, Wang ML, Liang KH, Tsai PH, Chiou SH, Lin TH, Wang CT. Genomic analysis and comparative multiple sequences of SARS-CoV2. *J Chin Med Assoc*. 2020 Jun;83(6):537-543. doi: 10.1097/JCMA.0000000000000335. PMID: 32349035.
 8. de Oliveira PSB, Silva Júnior JVJ, Weiblen R, Flores EF. Subtyping bovine viral diarrhea virus (BVDV): Which viral gene to choose? *Infect Genet Evol*. 2021 Aug;92:104891. doi: 10.1016/j.meegid.2021.104891. Epub 2021 May 2. PMID: 33945882.
 9. Alshrari AS, Hudu SA, Asdaq SMB, Ali AM, Kin CV, Omar AR, Pei CP, Sekawi Z. Bioinformatics analysis of rhinovirus capsid proteins VP1-4 sequences for cross-serotype vaccine development. *J Infect Public Health*. 2021 Nov;14(11):1603-1611. doi: 10.1016/j.jiph.2021.09.001. Epub 2021 Sep 4. PMID: 34624714.
 10. UniProt Consortium. UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2023. *Nucleic Acids Res*. 2022 Nov 21;51(21):gkac1052. doi: 10.1093/nar/gkac1052. Epub ahead of print. PMID: 36408920.
 11. Theodosiou T, Papanikolaou N, Savvaki M, Bonetto G, Maxouri S, Fakourelis E, Eliopoulos AG, Tavernarakis N, Amoutzias GD, Pavlopoulos GA, Aivaliotis M, Nikolettou V, Tzamaris D, Karageorgos D, Iliopoulos I. UniProt-Related Documents (UniReD): assisting wet lab biologists in their quest on finding novel counterparts in a protein network. *NAR Genom Bioinform*. 2020 Feb 11;2(1):lqaa005. doi: 10.1093/nargab/lqaa005. PMID: 33575553; PMCID: PMC7671407.
 12. Ibrahim B, McMahon DP, Hufsky F, Beer M, Deng L, Mercier PL, Palmarini M, Thiel V, Marz M. A new era of virus bioinformatics. *Virus Res*. 2018 Jun 2;251:86-90. doi: 10.1016/j.virusres.2018.05.009. Epub 2018 May 8. PMID: 29751021.
 13. Oliver GR, Hart SN, Klee EW. Bioinformatics for clinical next generation sequencing. *Clin Chem*. 2015 Jan;61(1):124-35. doi: 10.1373/clinchem.2014.224360. Epub 2014 Dec 1. PMID: 25451870.
 14. Cho YR, Kang M. Interpretable machine learning in bioinformatics. *Methods*. 2020 Jul 1;179:1-2. doi: 10.1016/j.ymeth.2020.05.024. Epub 2020 May 30. PMID: 32479800.
 15. Greene AC, Giffin KA, Greene CS, Moore JH. Adapting bioinformatics curricula for big data. *Brief Bioinform*. 2016 Jan;17(1):43-50. doi: 10.1093/bib/bbv018. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25829469; PMCID: PMC4719066.
 16. Uesaka K, Oka H, Kato R, Kanie K, Kojima T, Tsugawa H, Toda Y, Horinouchi T. Bioinformatics in bioscience and bioengineering: Recent advances, applications, and perspectives. *J Biosci Bioeng*. 2022 Nov;134(5):363-373. doi: 10.1016/j.jbiosc.2022.08.004. Epub 2022 Sep 17. PMID: 36127250.
 17. Elisabetta M. Introduction to JBCB Special Issue on BIOINFORMATICS 2019. *J Bioinform Comput Biol*. 2019 Oct;17(5):1902003. doi: 10.1142/S0219720019020037. PMID: 31856665.
 18. Oliver GR, Hart SN, Klee EW. Bioinformatics for clinical next generation sequencing. *Clin Chem*. 2015 Jan;61(1):124-35. doi: 10.1373/clinchem.2014.224360. Epub 2014 Dec 1. PMID: 25451870.
 19. Cho YR, Kang M. Interpretable machine learning in bioinformatics. *Methods*. 2020 Jul 1;179:1-2. doi: 10.1016/j.ymeth.2020.05.024. Epub 2020 May 30. PMID: 32479800.
 20. Greene AC, Giffin KA, Greene CS, Moore JH. Adapting bioinformatics curricula for big data. *Brief Bioinform*. 2016 Jan;17(1):43-50. doi: 10.1093/bib/bbv018. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25829469; PMCID: PMC4719066.
 21. Uesaka K, Oka H, Kato R, Kanie K, Kojima T, Tsugawa H, Toda Y, Horinouchi T. Bioinformatics in bioscience and bioengineering: Recent advances, applications, and perspectives. *J Biosci Bioeng*. 2022 Nov;134(5):363-373. doi: 10.1016/j.jbiosc.2022.08.004. Epub 2022 Sep 17. PMID: 36127250.
 22. Elisabetta M. Introduction to JBCB Special Issue on BIOINFORMATICS 2019. *J Bioinform Comput Biol*. 2019 Oct;17(5):1902003. doi: 10.1142/S0219720019020037. PMID: 31856665.
 23. Pozzi FI, Green GY, Barbona IG, Rodríguez GR, Felitti SA. CleanBSequences: an efficient curator of biological sequences in R. *Mol Genet Genomics*. 2020 Jul;295(4):837-841. doi: 10.1007/s00438-020-01671-z. Epub 2020 Apr 16. PMID: 32300860.
 24. Sievers F, Wilm A, Dineen D, Gibson TJ, Karplus K, Li W, Lopez R, McWilliam H, Remmert M, Söding J, Thompson JD, Higgins DG. Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Mol Syst Biol*. 2011 Oct 11;7:539. doi:

	<p>10.1038/msb.2011.75. PMID: 21988835; PMCID: PMC3261699.</p> <p>25. Rubio-Largo A, Vanneschi L, Castelli M, Vega-Rodríguez MA. Reducing Alignment Time Complexity of Ultra-Large Sets of Sequences. <i>J Comput Biol.</i> 2017 Nov;24(11):1144-1154. doi: 10.1089/cmb.2017.0097. Epub 2017 Jul 7. PMID: 28686466.</p> <p>26. Jain M, Koren S, Miga KH, Quick J, Rand AC, Sasani TA, Tyson JR, Beggs AD, Diltthey AT, Fiddes IT, Malla S, Marriott H, Nieto T, O'Grady J, Olsen HE, Pedersen BS, Rhie A, Richardson H, Quinlan AR, Snutch TP, Tee L, Paten B, Phillippy AM, Simpson JT, Loman NJ, Loose M. Nanopore sequencing and assembly of a human genome with ultra-long reads. <i>Nat Biotechnol.</i> 2018 Apr;36(4):338-345. doi: 10.1038/nbt.4060. Epub 2018 Jan 29. PMID: 29431738; PMCID: PMC5889714.</p> <p>27. Liao Y, Smyth GK, Shi W. The R package Rsubread is easier, faster, cheaper and better for alignment and quantification of RNA sequencing reads. <i>Nucleic Acids Res.</i> 2019 May 7;47(8):e47. doi: 10.1093/nar/gkz114. PMID: 30783653; PMCID: PMC6486549.</p> <p>28. Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. <i>Brief Bioinform.</i> 2019 Jul 19;20(4):1160-1166. doi: 10.1093/bib/bbx108. PMID: 28968734; PMCID: PMC6781576.</p> <p>29. Sun J, Chen K, Hao Z. Pairwise alignment for very long nucleic acid sequences. <i>Biochem Biophys Res Commun.</i> 2018 Jul 20;502(3):313-317. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.05.134. Epub 2018 May 29. PMID: 29800571.</p> <p>30. Zhang H, Song L, Wang X, Cheng H, Wang C, Meyer CA, Liu T, Tang M, Aluru S, Yue F, Liu XS, Li H. Fast alignment and preprocessing of chromatin profiles with Chromap. <i>Nat Commun.</i> 2021 Nov 12;12(1):6566. doi: 10.1038/s41467-021-26865-w. PMID: 34772935; PMCID: PMC8589834.</p> <p>31. König S, Romoth L, Stanke M. Comparative Genome Annotation. <i>Methods Mol Biol.</i> 2018;1704:189-212. doi: 10.1007/978-1-4939-7463-4_6. PMID: 29277866.</p> <p>32. Huang J, Dai Q, Yao Y, He PA. A Generalized Iterative Map for Analysis of Protein Sequences. <i>Comb Chem High Throughput Screen.</i> 2022;25(3):381-391. doi: 10.2174/1386207323666201012142318. PMID: 33045963.</p> <p>33. Deorowicz S, Walczyszyn J, Debudaj-Grabysz A. CoMSA: compression of protein multiple sequence alignment files. <i>Bioinformatics.</i> 2019 Jan 15;35(2):227-234. doi: 10.1093/bioinformatics/bty619. PMID: 30010777.</p> <p>34. Ranwez V, Chantret N, Delsuc F. Aligning Protein-Coding Nucleotide Sequences with MACSE. <i>Methods Mol Biol.</i> 2021;2231:51-70. doi: 10.1007/978-1-0716-1036-7_4. PMID: 33289886.</p> <p>35. Bergensträhle J, Larsson L, Lundeberg J. Seamless integration of image and molecular analysis for spatial transcriptomics workflows. <i>BMC Genomics.</i> 2020 Jul 14;21(1):482. doi: 10.1186/s12864-020-06832-3. PMID: 32664861; PMCID: PMC7386244.</p> <p>36. Suzuki Y. Informatics for PacBio Long Reads. <i>Adv Exp Med Biol.</i> 2019;1129:119-129. doi: 10.1007/978-981-13-6037-4_8. PMID: 30968364.</p> <p>37. Marco-Sola S, Moure JC, Moreto M, Espinosa A. Fast gap-affine pairwise alignment using the wavefront algorithm. <i>Bioinformatics.</i> 2021 May 1;37(4):456-463. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa777. PMID: 32915952; PMCID: PMC8355039.</p> <p>38. Liu S, Wang Y, Tong W, Wei S. A fast and memory efficient MLCS algorithm by character merging for DNA sequences alignment. <i>Bioinformatics.</i> 2020 Feb 15;36(4):1066-1073. doi: 10.1093/bioinformatics/btz725. PMID: 31584616.</p> <p>39. den DM, McLeod HL, Relling MV, Williams MS, Mensah GA, Peterson JF, Van Driest SL. Pharmacogenomics. <i>Lancet.</i> 2019 Aug 10;394(10197):521-532. doi: 10.1016/S0140-6736(19)31276-0. Epub 2019 Aug 5. PMID: 31395440; PMCID: PMC6707519.</p> <p>40. Cecchin E, Stocco G. Pharmacogenomics and Personalized Medicine. <i>Genes (Basel).</i> 2020 Jun 22;11(6):679. doi: 10.3390/genes11060679. PMID: 32580376; PMCID: PMC7348959.</p> <p>41. Guo C, Xie X, Li J, Huang L, Chen S, Li X, Yi X, Wu Q, Yang G, Zhou H, Liu JP, Chen X. Pharmacogenomics guidelines: Current status and future development. <i>Clin Exp Pharmacol Physiol.</i> 2019 Aug;46(8):689-693. doi: 10.1111/1440-1681.13097. Epub 2019 May 16. PMID: 31009088.</p> <p>42. Wysocki K, Seibert D. Pharmacogenomics in clinical care. <i>J Am Assoc Nurse Pract.</i> 2019 Aug;31(8):443-446. doi: 10.1097/JXX.0000000000000254. PMID: 31348145.</p> <p>43. Ji X, Ning B, Liu J, Roberts R, Lesko L, Tong W, Liu Z, Shi T. Towards population-specific pharmacogenomics in the era of next-generation sequencing. <i>Drug Discov Today.</i> 2021 Aug;26(8):1776-1783. doi: 10.1016/j.drudis.2021.04.015. Epub 2021 Apr 20. PMID: 33892143.</p>
<p>Політика дисципліни</p>	<p><u>Обов'язки осіб, які навчаються в Університеті:</u> Особи, які навчаються в Університеті, зобов'язані:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) дотримуватися вимог законодавства, Статуту та правил його внутрішнього розпорядку; 2) виконувати вимоги з охорони праці, техніки безпеки, виробничої санітарії, протипожежної безпеки, передбачені відповідними правилами та інструкціями; 3) виконувати вимоги освітньої (наукової) програми

	<p>(індивідуального навчального плану (за наявності), дотримуючись академічної доброчесності, та досягати визначених для відповідного рівня вищої освіти результатів навчання.</p> <p><u>Відвідування занять:</u> аспіранти очної (вечірньої) форми навчання зобов'язані відвідати не менше, як 50 % від загального обсягу аудиторних занять, аспіранти заочної форми навчання – не менше 20 %.</p> <p><u>Визнання і перезарахування результатів навчання:</u> Визнання результатів навчання у неформальній освіті розповсюджується на дану дисципліну, забезпечуючи, таким чином, формування своєї індивідуальної освітньої траєкторії. Визнанню підлягають результати навчання, отримані у неформальній освіті, що за тематикою, обсягом вивчення та змістом відповідають як навчальній дисципліні в цілому, так і її окремому розділу, темі.</p> <p><u>Дотримання академічної доброчесності</u> здобувачами під час вивчення дисципліни передбачає:</p> <ul style="list-style-type: none"> - самостійне виконання навчальних завдань, завдань поточного і підсумкового контролів; - посилання на джерела інформації у разі запозичень ідей, тверджень, відомостей; - надання достовірної інформації по результати навчання; дотримання норм законодавства про авторське право.
Викладачі	<p><i>Мороховець Галина Юрївна</i> – к.пед.н., завідувач аспірантурою наукового відділу, викладач кафедри фізики Полтавського державного медичного університету (https://med-informatic.pdmu.edu.ua/team) https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57193562586 https://orcid.org/0000-0002-6079-6878</p>
Оригінальність навчальної дисципліни	Авторський курс
Розробники	<p><i>Мороховець Галина Юрївна</i> – к.пед.н., завідувач аспірантурою наукового відділу, викладач кафедри фізики Полтавського державного медичного університету <i>Сілкова Олена Вікторівна</i> – к.пед.н., доцент, завідувач кафедри фізики Полтавського державного медичного університету</p>
Контакти	<p>Кафедра фізики Адреса: 36037, м. Полтава, вул. Небесної Сотні, 77 Телефон: (0532) 68-73-86, e-mail: med.informatic@pdmu.edu.ua, g.morokhovets@pdmu.edu.ua</p>