

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

Кафедра громадського здоров'я з лікарсько-трудовою експертизою

«ЗАТВЕРДЖУЮ»
Проректор ЗВО з наукової роботи
професор *А. Кайдашев* КАЙДАШЕВ
«8» *В. М. М. М. М.* 2024 року
М. Полтава

РОБОЧА ПРОГРАМА ОСВІТНЬОГО КОМПОНЕНТА

Медична статистика та біоінформатика

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

Галузі знань: **22 – Охорона здоров'я, 09 – Біологія**
(шифр і назва напрямку підготовки)

Спеціальності: **222 – Медицина, 221 – Стоматологія, 228 – Педіатрія, 229 – Громадське здоров'я, 091 – Біологія та біохімія**
(шифр і назва спеціальності)

Полтава – 2024

Робоча програма освітнього компонента «**Медична статистика та біоінформатика**» для здобувачів освіти третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти, які навчаються за освітньо-науковими програмами «Медицина», «Стоматологія», «Педіатрія», «Громадське здоров'я», «Біологія».

« » _____ 2024 року – с.

Розробники:

Голованова І.А. – д.мед.н., професор, завідувач кафедри громадського здоров'я з лікарсько-трудовою експертизою;

Белікова І.В. – к.мед.н., доцент, доцент кафедри громадського здоров'я з лікарсько-трудовою експертизою;

Мороховець Г. Ю. – к.пед.н., завідувач аспірантурою наукового відділу, викладач кафедри громадського здоров'я з лікарсько-трудовою експертизою;

Робоча програма освітнього компонента «**Медична статистика та біоінформатика**» затверджена на засіданні вченої ради Університету

Протокол № 8 від «08» травня 2024 року

Учений секретар


(підпис)

(доц. Філатова В. Л.)
(прізвище та ініціали)

ВСТУП

Освітній компонент «Медична статистика та біоінформатика» є складовою освітньо-наукових програм підготовки фахівців за третім рівнем вищої освіти «Медицина», «Стоматологія», «Педіатрія», «Громадське здоров'я» за спеціальностями 222 – Медицина, 221 – Стоматологія, 228 – Педіатрія, 229 – Громадське здоров'я, 091 – Біологія та біохімія.

Даний освітній компонент є *нормативним*.

Викладається у 1-2 та 5 семестрах 1 та 3 років навчання в аспірантурі в обсязі – 90 год (3 кредити ECTS) зокрема: лекції – 10 год., практичні – 26 год., самостійна робота – 54 год. У курсі передбачено 3 змістових модулів.

До змістового модуля I включено теми 1-6, змістового модуля II – 7-11, змістового модуля III – 12-16.

Завершується освітній компонент – заліком.

Зміст освітнього компонента. Освітній компонент «Медична статистика та біоінформатика» є базовим у підготовці здобувачів третього освітньо-наукового рівня. Освітній компонент складається із лекційних та практичних занять, на яких будуть висвітлені питання статистичного опрацювання медико-біологічних даних, організацію статистичного спостереження та збору даних, підходи, методи, прийоми для вирішення задач експериментальної біології сучасними методами обчислювальної техніки, які забезпечуються спеціалізованими комп'ютерними програмами.

Місце освітнього компонента (в структурно-логічній схемі підготовки фахівців відповідного напрямку). Освітній компонент «Медична статистика та біоінформатика» є базовим у циклі набуття універсальних навичок дослідника здобувачів вищої освіти третього (освітньо-наукового) рівня вищої освіти.

Зв'язок з іншими компонентами. Місце освітнього компонента визначається його структурно-логічним зв'язком з іншими компонентами, зокрема: методологією наукового і патентного пошуку та біоетикою, клінічною

епідеміологією, цифровізацією вищої освіти і досліджень у галузі охорони здоров'я та іншими.

Розподіл змісту освітньо-наукової програми підготовки доктора філософії за циклами наведено нижче.

Цикли підготовки в аспірантурі:

1. Оволодіння загальнонауковими (філософськими) компетентностями:

НК 1 Історія та філософія науки

НК 2 Основи академічної доброчесності та антикорупція

НК 3 Педагогіка та психологія вищої освіти та психологія спілкування

ВК 1 Теорія пізнання у біомедицині

ВК 2 Інтегративна біологія

ВК 3 Історія української державності

2. Цикл мовних освітніх компонент (здобуття мовних компетентностей, достатніх для представлення та обговорення результатів наукової роботи українською та іноземною мовами):

НК 4 Курс англійської мови наукового спілкування

НК 5 Українська мова професійного спрямування

ВК 4 Корективний курс англійської мови

ВК 5 Англійська мова (прогресивний рівень)

3. Цикл набуття універсальних навичок дослідника:

НК 6 Методологія наукового та патентного пошуку та біоетика

НК 7 Медична статистика та біоінформатика

НК 8 Цифровізація вищої освіти і досліджень у галузі охорони здоров'я

ВК 6 Молекулярна біологія

ВК 7 Клінічна імунологія та алергологія

ВК 8 Основи профілактики і терапії впливу гострого та хронічного стресу на ментальне здоров'я

ВК 9 Клінічна епідеміологія

4. Цикл дисциплін професійної та практичної підготовки:

НК 9 Трансляційна медицина

НК 10 Практика викладання фахових дисциплін

НК 11 Сучасні методи лабораторних та інструментальних досліджень

Вибіркові компоненти

Мета освітнього компонента — отримання та засвоєння здобувачами статистичних методів збирання, оброблення та аналізу інформації в галузі медичної статистики, які доцільно використовувати в сучасних умовах при проведенні статистичного дослідження, що дозволять їм кваліфіковано розробляти і реалізовувати заходи статичного аналізу для вирішення дослідницьких і науково-методичних завдань і якісного виконання дисертаційних робіт; навчити здобувачів 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 здобувачів цілісний і системний погляд на організацію біологічної інформації на молекулярному рівні.

Завдання освітнього компонента — вивчення здобувачами системи методологічних та методичних питань статистичного дослідження в галузі медичної статистики; формування навичок організації статистичних спостережень, методик розрахунку показників, прийомів статистичного аналізу та подання інформації, наукового мислення з використанням основ доказової медицини;

В результаті вивчення освітнього компонента здобувач повинен

знати:

- теоретичні основи статистичного спостереження як способу формування інформаційної бази для дослідження та прийняття рішень;
- визначення біостатистики як навчальної дисципліни та її ролі в системі доказової медицини;
- методичні підходи до узагальнення та оброблення статистичних даних;
- основні концепції аналізу біологічних текстів;
- основні концепції відтворення і аналізу просторової організації біомолекул;
- основи організації цілих геномів та методи їх порівняльного аналізу.

вміти:

- аналізувати та застосовувати статистичні показники та параметри статистичних сукупностей;

- здійснювати оброблення первинних даних з метою одержання узагальнюючих показників, рядів розподілу, відносних, середніх величин, показників варіації тощо;

- формувати статистичні гіпотези та обирати адекватні методи їх перевірки;

- оцінювати та описувати результати статистичних досліджень з метою формування обґрунтованих висновків;

- 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.

Контроль знань і розподіл балів, які отримують здобувачі ступеня доктора філософії

Контроль знань і розподіл балів, які отримують здобувачі ступеня доктора філософії.

Контроль здійснюється за модульно-рейтинговою системою.

Обов'язковим для заліку є виконання індивідуальної самостійної роботи.

Оцінювання за формами контролю:

	Модуль I		Модуль II		Модуль III	
	<i>Min</i> (балів)	<i>Max</i> (балів)	<i>Min</i> (балів)	<i>Max</i> (балів)	<i>Min</i> (балів)	<i>Max</i> (балів)
Поточний контроль та індивідуальна самостійна робота	41	67	41	67	40	66
Загалом	<i>Min</i> (балів)			<i>Max</i> (балів)		
	122			200		

Для здобувачів ступеня доктора філософії, які набрали сумарно меншу кількість балів ніж критично-розрахунковий мінімум – 122 бали, для одержання іспиту обов'язково перескладання поточного контролю та /або індивідуальної самостійної роботи.

При цьому, кількість балів:

Контроль здійснюється за модульно-рейтинговою системою

При цьому, кількість балів:

0-79 відповідає оцінці «незадовільно» з обов'язковим повторним вивченням дисципліни;

80-118 відповідає оцінці «незадовільно»;

122-128 відповідає оцінці «задовільно» («достатньо»);

130-138 відповідає оцінці «задовільно»;

140-158 відповідає оцінці «добре»;

160-178 відповідає оцінці «добре» («дуже добре»);

180-200 відповідає оцінці «відмінно».

**СТРУКТУРА ОСІТНЬОГО КОМПОНЕНТА
ТЕМАТИЧНИЙ ПЛАН ЛЕКЦІЙ І СЕМІНАРСЬКИХ ЗАНЯТЬ**

№ п/п	НАЗВА ТЕМИ	Кількість годин		
		лекції	прак тичні	С/Р
<i>Змістовий модуль 1. Основи організації епідеміологічних досліджень (32 год.)</i>				
1	Тема 1. Біостатистика та її значення в наукових дослідженнях.	2	2	2
2	Тема 2. Види статистичних даних в медицині. Кількісні та якісні дані. Джерела інформації. Шкали вимірювання.	2	2	4
3	Тема 3. Організація статистичного спостереження та збору даних. Генеральна сукупність. Методи формування вибіркової сукупності.	-	2	4
4	Тема 4. Квартілі. Нормальний розподіл.	-	2	2
5	Тема 5. Центральна гранична теорема. Довірчий інтервал.	-	2	4
6	Тема 6. Статистичний висновок.	-	-	2
УСЬОГО ЗА ЗМІСТОВИМ МОДУЛЕМ 1		4	10	18
<i>Змістовий модуль 2. Організація та проведення статистичного дослідження (30 год.)</i>				
7	Тема 7. Середні величини в клінічних та епідеміологічних дослідженнях, їх види, практичне значення.	-	-	2
8	Тема 8. Формування гіпотез. Параметричні та непараметричні критерії. Перевірка гіпотез за допомогою довірчих меж. Помилки при перевірці гіпотези.	2	2	4
9	Тема 9. Виявлення зв'язку між ознаками. Кореляційно-регресивний аналіз.	-	2	4
10	Тема 10. Доказова медицина. Цілі, задачі, методи	2	2	4
11	Тема 11. Опублікування наукових статей. Науково-метричні бази даних	-	2	4
УСЬОГО ЗА ЗМІСТОВИМ МОДУЛЕМ 2		4	8	18
<i>Змістовий модуль 3. Біоінформатика (28 год.)</i>				
12	Тема 12. Введення в біоінформатику. Біоінформатика послідовностей	2	-	2
13	Тема 13. Вирівнювання біологічних послідовностей. Філогенетичний аналіз	-	2	4

14	Тема 14. Секвенування геномів. Синтез пептидів-аналогів та дослідження їх біологічної активності	-	2	4
15	Тема 15. Інструменти біоінформатики: інструменти роботи з біологічними даними, світові бази даних	-	2	4
16	Тема 16. Фармакогенетика як структурна частина фармакогеноміки	-	2	4
	УСЬОГО ЗА ЗМІСТОВИМ МОДУЛЕМ 3	2	8	18
	ВСЬОГО	10	26	54

ЗМІСТОВИЙ МОДУЛЬ 1

ОСНОВИ ОРГАНІЗАЦІЇ ЕПІДЕМІОЛОГІЧНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ (32 ГОД.)

ТЕМА 1. БІОСТАТИСТИКА ТА ЇЇ ЗНАЧЕННЯ В НАУКОВИХ ДОСЛІДЖЕННЯХ (6 год.)

Лекція 1. Поняття наукового дослідження. Класифікація наукових досліджень. Організаційна структура науки. Національна система вищої освіти. Освітні програми та присвоєні ступені вищої освіти. Поняття про методи і методологію дослідження (2 год.)

Теорія та поняття статистичного спостереження, етапи його проведення.

Форми та способи статистичного спостереження та збору даних.

Використання різних шкал вимірювання: абсолютна, порядкова, інтервальна, відношень.

Джерела статистичної інформації.

Види статистичних даних, статистична звітність. Вибіркові дослідження та їх види.

Поняття рандомізації та стратифікації. Дизайн клінічних досліджень.

Групування статистичних даних, методи, значення, види. Принципи побудови статистичних групувань та класифікацій.

Характеристика статистичних таблиць, види, правила побудови.

Види відносних величин, методика їх розрахунку та методичні основи застосування для аналізу даних.

Графічні методи аналізу даних. Види графіків, їх побудова.

Фактори ризику. Показники ризику, методика їх розрахунку та аналізу. Ряди динаміки, їх види. Прийоми обробки динамічного ряду.

Інтерполяція та екстраполяція в рядах динаміки.

Контрольні запитання та завдання:

1. Поняття статистичного спостереження, етапи проведення та їх точність.
2. Види вибірових досліджень.
3. Відносні величини, методика їх розрахунку та застосування для аналізу даних.
4. Види рядів динаміки.

Практичне заняття (2 год.):

- 1.1. Статистичні таблиці, їх характеристика, види, правила побудови.
- 1.2. Графічні методи аналізу даних. Види графіків, правила їх побудови.
- 1.3. Основні прийоми обробки динамічного ряду з метою визначення тренду.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Сформулювати дослідницьке питання.

Визначитися з дизайном дослідження.

Скласти план та програму статистичного дослідження.

Розрахувати похідні величини.

Рекомендована література:

1. Джон В. Кресвелл, Дж. Девід Кресвелл. Дизайн дослідження: підходи на основі якісних, кількісних і змішаних методів / Перекл. Ігор Кобель, Тарас Кобель. Львів: Видавництво Українського католицького університету, 2022. 284 с.

2. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.

3. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. — К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.

4. В. В. Бабієнко, А.В. Мокієнко, В. Ю. Левковська Б125 Біостатистика : навчально-методичний посібник / Бабієнко В. В., Мокієнко А. В., Левковська В. Ю. - Одеса : Прес-кур'єр, 2022. 180 с.
5. Вапків П.Г., Пастер П.Л., Сторожук В.П., Ткач Є.І. Теорія статистики: Навчальний посібник. – К.: Либідь, 2001. – 320 с.
6. Мазуренко В.П. Теорія статистики: Навчальний посібник – К.: Видавничо-поліграфічний центр "Київський університет", 2006. – 232 с.
7. Голованова І. А. Основи медичної статистики : навч. посіб. для аспірантів та клінічних ординаторів / І. А. Голованова, І. В. Белікова, Н. О. Ляхова. – Полтава, 2017. – 113 с.
8. Громадське здоров'я: підручник / Грузева Т. С., Леха В. М., Огнев В. А. та ін.; за заг. ред. Т. С. Грузевої. Вінниця: Нова Книга. 2023. – 616 с.

ТЕМА 2. ВИДИ СТАТИСТИЧНИХ ДАНИХ В МЕДИЦИНІ. КІЛЬКІСНІ ТА ЯКІСНІ ДАНІ. ДЖЕРЕЛА ІНФОРМАЦІЇ. ШКАЛИ ВИМІРЮВАННЯ (8 год.)

Лекція 2. Види статистичних даних в медицині. Кількісні та якісні дані. Джерела інформації. Шкали вимірювання (2 год.):

- Групування статистичних даних, методи, значення.
- Види, принципи побудови статистичних групувань та класифікацій.
- Характеристика статистичних таблиць.
- Види статистичних таблиць та правила їх побудови.

Контрольні запитання та завдання:

1. Мета і завдання статистичного спостереження.
2. Опрацювати джерела статистичної інформації.
3. Вибіркова сукупність.

Практичне заняття (2 год.):

- 1.1. Методи статистичного спостереження. Вибір одиниць спостереження.
- 1.2. Методи формування вибіркової сукупності

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

- Опрацювати види та згрупувати статистичні дані.
- Охарактеризувати шкали вимірювання.
- Опрацювати види статистичних таблиць.

Рекомендована література:

1. Мазуренко В.П. Теорія статистики: Навчальний посібник – К.: Видавничо-поліграфічний центр "Київський університет", 2006. – 232 с.
2. Мармоза А.Т. Теорія статистики: Навчальний посібник. – К: Ельга, Ніка – Центр, 2003. – 392 с.
3. Тарасенко Т.О. Статистика: Навчальний посібник. – К.: Центр навчальної літератури, 2006. – 344 с.
4. Gerstman V. B. Basic biostatistics. – Jones & Bartlett Learning, LLC, 2014.

ТЕМА 3. ОРГАНІЗАЦІЯ СТАТИСТИЧНОГО СПОСТЕРЕЖЕННЯ ТА ЗБОРУ ДАНИХ. ГЕНЕРАЛЬНА СУКУПНІСТЬ. МЕТОДИ ФОРМУВАННЯ ВИБІРКОВОЇ СУКУПНОСТІ (6 год.)

Практичне заняття (2 год.):

- 1.1. Види статистичних даних у медицині. Кількісні та якісні дані.
- 1.2. Шкали вимірювання.
- 1.3. Статистична звітність та вибіркові дослідження. Групування статистичних даних.
- 1.4. Статистичні таблиці, характеристика, види, правила побудови.
- 1.5. Види, принципи побудови статистичних групувань та класифікацій.
- 1.6. Статистична звітність у таблицях, їх види та правила побудови.

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

Види викладу наукових результатів. Послідовність викладу наукових результатів. Особливості викладу результатів наукового дослідження.

Принципи і особливості процесу подвійного сліпого рецензування (double-blind review process) публікації.

Бізнес-моделі наукових видань.

Державна реєстрація авторського права на науковий твір.

Зміст та особливості викладу результатів інноваційної діяльності. Державна реєстрація технології.

Рекомендована література:

5. Мазуренко В.П. Теорія статистики: Навчальний посібник – К.: Видавничо-поліграфічний центр "Київський університет", 2006. – 232 с.
6. Мармоза А.Т. Теорія статистики: Навчальний посібник. – К: Ельга, Ніка – Центр, 2003. – 392 с.
7. Тарасенко Т.О. Статистика: Навчальний посібник. – К.: Центр навчальної літератури, 2006. – 344 с.
8. Gerstman V. V. Basic biostatistics. – Jones & Bartlett Learning, LLC, 2014.

ТЕМА 4. КВАРТІЛІ. НОРМАЛЬНИЙ РОЗПОДІЛ (4 год.)

Практичне заняття (2 год.):

- 1.1. Види розподілу. Одновимірний розподіл. Двовимірний розподіл.
- 1.2. Міри центральної тенденції.
- 1.3. Середнє значення ряду даних. Медіана. Мода.
- 1.4. Нормальний розподіл (розподіл Гауса).
- 1.5. Дисперсія і стандартне відхилення.
- 1.6. Бімодальні розподіли.
- 1.7. Квартілі.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Сформулювати нормальний закон розподілу випадкової величини.

Назвати основні властивості нормальної випадкової величини.

Визначити параметри нормального розподілу.

Навести вирази для моментів нормального розподілу

Побудувати приклад практичного застосування нормального розподілу.

Рекомендована література:

1. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
2. Ткач Є.І. Загальна теорія статистики: Підручник. - Тернопіль.: Лідер, 2004. - 388 с.
3. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. – 2017. – 113 с.
4. Pagano M., Gauvreau K., Mattie H. Principles of biostatistics. – CRC Press, 2022.
5. Gerstman V. B. Basic biostatistics. – Jones & Bartlett Learning, LLC, 2014.
6. Kaps M., Lamberson W. R. (ed.). Biostatistics for animal science. – Cabi, 2017.

ТЕМА 5: ЦЕНТРАЛЬНА ГРАНИЧНА ТЕОРЕМА. ДОВІРЧИЙ ІНТЕРВАЛ

(6 год.)

Практичне заняття (2 год.):

- 1.1. Визначити стандартне відхилення.
- 1.2. Розрахувати стандартну помилку середнього.
- 1.3. Оцінити генеральну сукупність спираючись на вибірку.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Сформулювати центральну граничну теорему за різними авторами.
Уміти розраховувати та оцінювати довірчі інтервали.

Рекомендована література:

1. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. - К.: Книга плюс, 2009. - 184 с.
2. Статистика: підручник / С. І. Пирожков, В. В. Рязанцева, Р. М. Моторин та ін. – Київ: Київ. нац. торг.-екон. ун-т, 2020. – 328 с.
3. Тарасенко Т.О. Статистика: Навчальний посібник. - К.: Центр навчальної літератури, 2006. - 344 с.
4. Aviva Petrie, Caroline Sabin. Medical Statistics at a Glance. 1st Edition. Publisher: Wiley-Blackwell; 1st edition 2000. 138 p.

ТЕМА 6. СТАТИСТИЧНИЙ ВИСНОВОК (2 год.)

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Поняття про відносний ризик і коефіцієнт інформативності. Фактори ризику. Оцінки ризиків. Відносний ризик.

Методика неоднорідної послідовної процедури, що базується на послідовному аналізі Вальда.

Прогностичні коефіцієнти. Прогностична таблиця.

Практична цінність у медичній діяльності методології моделювання та прогностичного оцінювання патологічний процесів.

Відношення шансів.

Рекомендована література:

1. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.

2. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. — К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.
3. Статистика: підручник / С. І. Пирожков, В. В. Рязанцева, Р. М. Моторин та ін. — Київ: Київ. нац. торг.-екон. ун-т, 2020. — 328 с.
4. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
5. Ткач Є.І. Загальна теорія статистики: Підручник. - Тернопіль.: Лідер, 2004. - 388 с.
6. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. — 2017. — 113 с.

ЗМІСТОВИЙ МОДУЛЬ 2

ОРГАНІЗАЦІЯ ТА ПРОВЕДЕННЯ СТАТИСТИЧНОГО ДОСЛІДЖЕННЯ (30 год.)

ТЕМА 7. СЕРЕДНІ ВЕЛИЧИНИ В КЛІНІЧНИХ ТА ЕПІДЕМІОЛОГІЧНИХ ДОСЛІДЖЕННЯХ, ЇХ ВИДИ, ПРАКТИЧНЕ ЗНАЧЕННЯ (2 год.)

Завдання для самостійної роботи:

Визначити практичне значення середніх величин. Опрацювати методи розрахунку.

Порівняти види варіаційних рядів.

Методика обчислення та практичне використання середнього квадратичного відхилення.

Рекомендована література:

1. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.
2. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. - К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.
3. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
4. Ткач Є.І. Загальна теорія статистики: Підручник. - Тернопіль.: Лідер, 2004. - 388 с.
5. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. – 2017. – 113 с.

ТЕМА 8. ФОРМУВАННЯ ГІПОТЕЗ. ПАРАМЕТРИЧНІ ТА НЕПАРАМЕТРИЧНІ КРИТЕРІЇ. ПЕРЕВІРКА ГІПОТЕЗ ЗА ДОПОМОГОЮ ДОВІРЧИХ МЕЖ. ПОМИЛКИ ПРИ ПЕРЕВІРЦІ ГІПОТЕЗИ (8 год.)

Лекція 3. Формування гіпотез. Параметричні та непараметричні критерії. Перевірка гіпотез за допомогою довірчих меж. Помилки при перевірці гіпотези (2 год.)

Контрольні запитання та завдання:

1. Поняття про помилки та похибки першого та другого роду.
2. Гіпотези та їх перевірка за допомогою довірчих меж.
3. Вибіркове дослідження.
4. Значимість статистичних критеріїв.
5. Оцінка вірогідності різниці, типові помилки.
6. Значення використання непараметричних методів оцінки.
7. Характеристика порівнювальних сукупностей.
8. Критерії перевірки статистичної гіпотези для незалежних сукупностей.

Практичне заняття (2 год.):

1.1. Оцінка вірогідності різниці: критерій Стьюдента, методика розрахунку, його оцінка, типові помилки використання.

1.2. Критерії Колмогорова-Смирнова та інших.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Сформулювати дослідницьке питання.

Обґрунтувати випадки використання непараметричних методів оцінки.

Побудувати прості графіки (гістограми, діаграми та ін..).

Рекомендована література:

1. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.
2. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. - К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.
3. Статистика: підручник / С. І. Пирожков, В. В. Рязанцева, Р. М. Моторин та ін. – Київ: Київ. нац. торг.-екон. ун-т, 2020. – 328 с.
4. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
5. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. – 2017. – 113 с.

ТЕМА 9. ВИЯВЛЕННЯ ЗВ'ЯЗКУ МІЖ ОЗНАКАМИ. КОРЕЛЯЦІЙНО-РЕГРЕСИВНИЙ АНАЛІЗ (6 год.)

Практичне заняття (2 год.):

- 1.1. Кореляційний зв'язок, різниця від функціонального.
- 1.2. Характеристика форми, направленості та сили зв'язку.

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

Кореляційний зв'язок, різниця від функціонального. Характеристика форми, направленості та сили зв'язку.

Сформулювати поняття про функціональну залежність між показниками.

Коефіцієнт парної кореляції, множинний та парціальний коефіцієнт кореляції.

Опрацювати методичку розрахунку коефіцієнту кореляції Спірмена та формулу розрахунку лінійного коефіцієнта кореляції Пірсона.

Рекомендована література:

1. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.
2. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. - К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.
3. Статистика: підручник / С. І. Пирожков, В. В. Рязанцева, Р. М. Моторин та ін. – Київ: Київ. нац. торг.-екон. ун-т, 2020. – 328 с.
4. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
5. Ткач Є.І. Загальна теорія статистики: Підручник. - Тернопіль.: Лідер, 2004. - 388 с.
6. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. – 2017. – 113 с.
7. Chan Y. H. Biostatistics 104: correlational analysis //Singapore Med J. – 2003. – Т. 44. – №. 12. – С. 614-619.

ТЕМА 11. ДОКАЗОВА МЕДИЦИНА. ЦІЛІ, ЗАДАЧІ, МЕТОДИ (8 год.)

Лекція 4. Поняття доказової медицини, її задачі. Рівні доказовості.

Поняття доказової медицини, її задачі. Рівні доказовості.

Контрольні питання і завдання:

Поняття доказової медицини, її задачі. Рівні доказовості.

Оцінювання за допомогою AGREE II. Принцип PICO.

Конфлікт інтересів, їх типи.

Практичне заняття (2 год.):

1.1. Оцінювання за допомогою AGREE II. Принцип PICO.

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Конфлікт інтересів, їх типи.

Рекомендована література:

1. <http://guidelines.moz.gov.ua/>
2. <http://moz.gov.ua/article/protocols/test3>
3. <http://mtd.dec.gov.ua/images/Present2/4.pdf>

**ТЕМА 12. ОПУБЛІКУВАННЯ НАУКОВИХ СТАТЕЙ. НАУКОВО-МЕТРИЧНІ
БАЗИ ДАНИХ (6 год.):**

Практичне завдання (2 год.):

1.1. Пошук матеріалів в науково-метричних базах даних.

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

Оцінка дослідницького питання за принципом FINER.

Рекомендована література:

1. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.
2. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. - К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.
3. Статистика: підручник / С. І. Пирожков, В. В. Рязанцева, Р. М. Моторин та ін. – Київ: Київ. нац. торг.-екон. ун-т, 2020. – 328 с.
4. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
5. Ткач Є.І. Загальна теорія статистики: Підручник. - Тернопіль.: Лідер, 2004. - 388 с.
6. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. – 2017. – 113 с.

Додаткова:

1. Вашків П.Г., Пастер П.Л., Сторожук В.П., Ткач Є.І. Теорія статистики: Навчальний посібник. - К.: Либідь, 2001. - 320 с.
2. Мазуренко В.П. Теорія статистики: Навчальний посібник - К.: Видавничо-поліграфічний центр "Київський університет", 2006. - 232 с.
3. Мармоза А.Т. Практикум з математичної статистики: Навчальний посібник. - К.: Кондор, 2009. - 264 с.
4. Мармоза А.Т. Теорія статистики: Навчальний посібник. - К: Ельга, Ніка - Центр, 2003. - 392 с.
5. Матковський С.О., Гальків Л.І., Гринькевич О.С, Сорочак О.З. Статистика: Навчальний посібник - Львів.: "Новий Світ", 2009. - 430 с.
6. Тарасенко Т.О. Статистика: Навчальний посібник. - К.: Центр навчальної літератури, 2006. - 344 с.
7. Aviva Petrie, Caroline Sabin. Medical Statistics at a Glance. 1st Edition. Publisher: Wiley-Blackwell; 1st edition 2000. 138 p.

8. В. В. Бабієнко, А.В. Мокієнко, В. Ю. Левковська Б125 Біостатистика : навчально-методичний посібник / Бабієнко В. В., Мокієнко А. В., Левковська В. Ю. - Одеса : Прес-кур'єр, 2022. 180 с.
9. Rosner B. Fundamentals of biostatistics. – Cengage learning, 2015. – 942 p.
10. Pagano M., Gauvreau K., Mattie H. Principles of biostatistics. – CRC Press, 2022.
11. Gerstman B. B. Basic biostatistics. – Jones & Bartlett Learning, LLC, 2014.
12. Kaps M., Lamberson W. R. (ed.). Biostatistics for animal science. – Cabi, 2017.
13. Glover T., Mitchell K. An introduction to biostatistics. – Waveland Press, 2008.
14. Chan Y. H. Biostatistics 104: correlational analysis //Singapore Med J. – 2003. – Т. 44. – №. 12. – С. 614-619.
15. Kestenbaum B. Epidemiology and biostatistics //An Introduction to Clinical Research. – 2009

ЗМІСТОВИЙ МОДУЛЬ 3

БІОІНФОРМАТИКА

ТЕМА 12. ВВЕДЕННЯ У БІОІНФОРМАТИКУ. БІОІНФОРМАТИКА ПОСЛІДОВНОСТЕЙ (4 год.).

Лекція 5. Введення у біоінформатику. Біоінформатика послідовностей (2 год.):

Історія розвитку біоінформатики. Предмет біоінформатики.

Біоінформатика послідовностей.

Контрольні запитання та завдання:

1. Що таке біоінформатика?
2. Де зберігаються біоінформаційні дані?
3. Коли біоінформатика виділилася у окрему наукову галузь?
4. Які основні питання входять до предмету біоінформатики?
5. Які основні напрямки розвитку біоінформатики?
6. У чому полягає фізична суть методу секвенування?
7. Які є напрямки використання мас-спектрометрів у біології?
8. Яка фізична суть методу хроматографії?
9. Для чого призначені мас-спектрометри?
10. У чому полягає суть центральної догми молекулярної біології?
11. Що таке карта взаємодії білків?
12. Яким чином можна отримати пептидний відбиток білка?
13. Як можна встановити взаємодію білків у клітині?
14. Які основні принципи процесу дослідження пептидних сумішей?

Завдання для самостійної роботи (2 год.):

Інформація у живих системах.

Центральна догма молекулярної біології.

Поняття гідрофільності та гідрофобності білків.

Терапевтична активність синтетичних пептидів.

Рекомендована література:

1. Wooller SK, Benstead-Hume G, Chen X, Ali Y, Pearl FMG. Bioinformatics in translational drug discovery. Biosci Rep. 2017 Jul 7;37(4):BSR20160180. doi: 10.1042/BSR20160180. PMID: 28487472; PMCID: PMC6448364.
2. Akalin PK. Introduction to bioinformatics. Mol Nutr Food Res. 2006 Jul;50(7):610-9. doi: 10.1002/mnfr.200500273. PMID: 16810733.
3. 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.
4. 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.

8. 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.

9. 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.

10. 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.

11. 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.

12. 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.

ТЕМА 13. ВИРІВНЮВАННЯ БІОЛОГІЧНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ. ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ (6 год.).

Практичне заняття (2 год.):

Принципи вирівнювання послідовностей.

Принцип матриці крапок.

Алгоритми Ніделмана-Вунша та Сміта-Уотермана.

Виконання філогенетичного аналізу у пакеті Phylogeny.fr.

Парне та множинне вирівнювання.

Принцип матриці крапок.

Алгоритми Ніделмана-Вунша та Сміта-Уотермана.

Множинне вирівнювання.

Філогенетичний аналіз

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

Які білки називаються гомологічними?

У чому заключається різниця між термінами «аналогія» та «гомологія»?

Який процес називається вирівнюванням біологічних послідовностей?

Які існують види вирівнювання біологічних послідовностей?

Що таке множинне вирівнювання біологічних послідовностей?

Суть базового принципу вирівнювання біологічних послідовностей?

Суть принципу матриці крапоу у вирівнюванні біологічних послідовностей?

Як визначається число можливих вирівнювань для двох біологічних послідовностей?

У чому заключається суть методу вирівнювання Ніделмана – Вунша?

У чому заключається суть методу вирівнювання Сміта–Уотермана?

Використовуючи принцип матриці крапок, вирівняйте дві послідовності 1: FTFTALILLAVAV та 2: FTFTALITLAVTV.

Підрахуйте, чому дорівнює число можливих вирівнювань для послідовностей 1: MSNITIYDVAREANVSMATVSRVVNGNPVVKPTTRKKVLEAIERLGYRPNAVARGLASK та

2: MENITTYDEAREANVTMATVSRVVNGNPNVKPTTRKTVLEAIERLGYRPNNAVARGLAST
K.

Послідовності із завдання 1 вирівняйте за допомогою алгоритму Ніделмана – Вунша.
За принципом Сміта–Уотермена розрахуйте значення генетичної дистанції для послідовностей із завдання 2.

Що таке філогенія?

Яким чином відбувається візуалізація у філогенетичному аналізі?

Які програми для вирівнювання послідовностей, крім MUSCLE, використовує пакет Phylogeny.fr?

Яка суть методу найбільшої правдоподібності?

У чому заключається принцип найбільшої економії?

У чому заключається принцип Байєса?

Які програми для побудови філогенетичних дерев має пакет Phylogeny.fr?

Вирівняйте досліджувані послідовності за допомогою програми ClustalW пакету Phylogeny.fr.

Візуалізуйте філогенетичне дерево досліджуваних послідовностей за допомогою інструменту TreeDун пакету Phylogeny.fr.

Візуалізуйте філогенетичне дерево досліджуваних послідовностей за допомогою інструменту Drawgram пакету Phylogeny.fr.

Візуалізуйте філогенетичне дерево досліджуваних послідовностей за допомогою інструменту DrawTree пакету Phylogeny.fr.

Додаткові функції філогенетичного аналізу у пакеті Phylogeny.fr.

Рекомендована література:

1. Li H. Minimap2: pairwise alignment for nucleotide sequences. *Bioinformatics*. 2018 Sep 15;34(18):3094-3100. doi: 10.1093/bioinformatics/bty191. PMID: 29750242; PMCID: PMC6137996.
2. Korotkov EV, Suvorova YM, Kostenko DO, Korotkova MA. Multiple Alignment of Promoter Sequences from the Arabidopsis thaliana L. Genome. *Genes (Basel)*. 2021 Jan 21;12(2):135. doi: 10.3390/genes12020135. PMID: 33494278; PMCID: PMC7909805.
4. 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.
5. 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: 10.1038/msb.2011.75. PMID: 21988835; PMCID: PMC3261699.
6. Rubio-Largo A, Vanneschi L, Castelli M, Vega-Rodríguez MA. Reducing Alignment Time Complexity of Ultra-Large Sets of Sequences. *J Comput Biol*. 2017 Nov;24(11):1144-1154. doi: 10.1089/cmb.2017.0097. Epub 2017 Jul 7. PMID: 28686466.
7. Jain M, Koren S, Miga KH, Quick J, Rand AC, Sasani TA, Tyson JR, Beggs AD, Dilthey 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. *Nat Biotechnol*. 2018 Apr;36(4):338-345. doi: 10.1038/nbt.4060. Epub 2018 Jan 29. PMID: 29431738; PMCID: PMC5889714.
8. Liao Y, Smyth GK, Shi W. The R package Rsubread is easier, faster, cheaper and better for alignment and quantification of RNA sequencing reads. *Nucleic Acids Res*. 2019 May 7;47(8):e47. doi: 10.1093/nar/gkz114. PMID: 30783653; PMCID: PMC6486549.
9. Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Brief Bioinform*. 2019 Jul 19;20(4):1160-1166. doi: 10.1093/bib/bbx108. PMID: 28968734; PMCID: PMC6781576.

10. Sun J, Chen K, Hao Z. Pairwise alignment for very long nucleic acid sequences. *Biochem Biophys Res Commun.* 2018 Jul 20;502(3):313-317. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.05.134. Epub 2018 May 29. PMID: 29800571.
11. 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. *Nat Commun.* 2021 Nov 12;12(1):6566. doi: 10.1038/s41467-021-26865-w. PMID: 34772935; PMCID: PMC8589834.
12. König S, Romoth L, Stanke M. Comparative Genome Annotation. *Methods Mol Biol.* 2018;1704:189-212. doi: 10.1007/978-1-4939-7463-4_6. PMID: 29277866.
13. Huang J, Dai Q, Yao Y, He PA. A Generalized Iterative Map for Analysis of Protein Sequences. *Comb Chem High Throughput Screen.* 2022;25(3):381-391. doi: 10.2174/1386207323666201012142318. PMID: 33045963.
14. Deorowicz S, Walczyszyn J, Debudaj-Grabysz A. CoMSA: compression of protein multiple sequence alignment files. *Bioinformatics.* 2019 Jan 15;35(2):227-234. doi: 10.1093/bioinformatics/bty619. PMID: 30010777.
15. Ranwez V, Chantret N, Delsuc F. Aligning Protein-Coding Nucleotide Sequences with MACSE. *Methods Mol Biol.* 2021;2231:51-70. doi: 10.1007/978-1-0716-1036-7_4. PMID: 33289886.
19. Bergensträhle J, Larsson L, Lundeberg J. Seamless integration of image and molecular analysis for spatial transcriptomics workflows. *BMC Genomics.* 2020 Jul 14;21(1):482. doi: 10.1186/s12864-020-06832-3. PMID: 32664861; PMCID: PMC7386244.
201. Suzuki Y. Informatics for PacBio Long Reads. *Adv Exp Med Biol.* 2019;1129:119-129. doi: 10.1007/978-981-13-6037-4_8. PMID: 30968364.
21. Marco-Sola S, Moure JC, Moreto M, Espinosa A. Fast gap-affine pairwise alignment using the wavefront algorithm. *Bioinformatics.* 2021 May 1;37(4):456-463. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa777. PMID: 32915952; PMCID: PMC8355039.
24. Liu S, Wang Y, Tong W, Wei S. A fast and memory efficient MLCS algorithm by character merging for DNA sequences alignment. *Bioinformatics.* 2020 Feb 15;36(4):1066-1073. doi: 10.1093/bioinformatics/btz725. PMID: 31584616.

ТЕМА 14. СЕКВЕНУВАННЯ ГЕНОМІВ. СИНТЕЗ ПЕПТИДІВ-АНАЛОГІВ ТА ДОСЛІДЖЕННЯ ЇХ БІОЛОГІЧНОЇ АКТИВНОСТІ (6 ГОД.)

Практичне заняття (2 год.):

Секвенування по Сенгеру.
Геном людини. Нові методи секвенування.

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

З яких етапів складається процес секвенування?
Які маси ДНК використовують для секвенування?
Назвіть методи розрізання ДНК.
Що таке фермент-рестриктаза?
У чому полягає суть методу дробовика?
Що таке клонування ДНК?
Для чого у процесі секвенування застосовують плазміді?
Як проходить процес реплікації ДНК у плазміді?
Як проходить процес термі нації ланцюга ДНК?
У чому полягає суть секвенування по методу Сенгера?
Який процес називають збором контигів?
У чому полягає суть технології ППР?
Які основні характеристики геному людини?
Які новітні методи секвенування існують сьогодні? У чому їх суть?
Підрахуйте скільки ланцюгів міститься у одному пікограмі ДНК?

Рекомендована література:

1. McCombie WR, McPherson JD, Mardis ER. Next-Generation Sequencing Technologies. Cold Spring Harb Perspect Med. 2019 Nov 1;9(11):a036798. doi: 10.1101/cshperspect.a036798. PMID: 30478097; PMCID: PMC6824406.
2. Yoshinaga Y, Daum C, He G, O'Malley R. Genome Sequencing. Methods Mol Biol. 2018;1775:37-52. doi: 10.1007/978-1-4939-7804-5_4. PMID: 29876807.
3. Levy SE, Boone BE. Next-Generation Sequencing Strategies. Cold Spring Harb Perspect Med. 2019 Jul 1;9(7):a025791. doi: 10.1101/cshperspect.a025791. PMID: 30323017; PMCID: PMC6601457.
4. Burian AN, Zhao W, Lo TW, Thurtle-Schmidt DM. Genome sequencing guide: An introductory toolbox to whole-genome analysis methods. Biochem Mol Biol Educ. 2021 Sep;49(5):815-825. doi: 10.1002/bmb.21561. Epub 2021 Aug 11. PMID: 34378845; PMCID: PMC9291972.
5. Lin HN, Hsu WL. GSAalign: an efficient sequence alignment tool for intra-species genomes. BMC Genomics. 2020 Feb 24;21(1):182. doi: 10.1186/s12864-020-6569-1. PMID: 32093618; PMCID: PMC7041101.
6. Lin HN, Hsu WL. GSAalign: an efficient sequence alignment tool for intra-species genomes. BMC Genomics. 2020 Feb 24;21(1):182. doi: 10.1186/s12864-020-6569-1. PMID: 32093618; PMCID: PMC7041101.
7. Glanzmann B, Jooste T, Ghoor S, Gordon R, Mia R, Mao J, Li H, Charls P, Douman C, Kotze MJ, Peeters AV, Loots G, Esser M, Tiemessen CT, Wilkinson RJ, Louw J, Gray G, Warren RM, Möller M, Kinnear C. Human whole genome sequencing in South Africa. Sci Rep. 2021 Jan 12;11(1):606. doi: 10.1038/s41598-020-79794-x. PMID: 33436733; PMCID: PMC7803990.
8. Levy-Sakin M, Pastor S, Mostovoy Y, Li L, Leung AKY, McCaffrey J, Young E, Lam ET, Hastie AR, Wong KHY, Chung CYL, Ma W, Sibert J, Rajagopalan R, Jin N, Chow EYC, Chu

C, Poon A, Lin C, Naguib A, Wang WP, Cao H, Chan TF, Yip KY, Xiao M, Kwok PY. Genome maps across 26 human populations reveal population-specific patterns of structural variation. Nat Commun. 2019 Mar 4;10(1):1025. doi: 10.1038/s41467-019-08992-7. PMID: 30833565; PMCID: PMC6399254.

ТЕМА 15. ІНСТРУМЕНТИ БІОІНФОРМАТИКИ: ІНСТРУМЕНТИ РОБОТИ З БІОЛОГІЧНИМИ ДАНИМИ, СВІТОВІ БАЗИ ДАНИХ (6 ГОД.)

Практичне заняття (2 год.):

Виконання множинного вирівнювання у програмі ClustalW.

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

Виконання множинного вирівнювання у програмі MUSCLE.

Виконання множинного вирівнювання у програмі MatLab.

Етапи виконання множинного вирівнювання у базі даних UniProt

На основі якого алгоритму працює програма ClustalW?

У яких варіантах представлена програма ClustalW? Назвіть особливості кожного з них.

Назвіть основні можливості програми ClustalW.

З якими форматами даних дозволяє працювати програма MUSCLE?

Яку функцію виконує опція Output Tree?

У чому заключається суть індексу цитування?

Назвіть основні переваги роботи з ресурсом Google Scholar.

Назвіть причини створення біологічних баз даних.

Чому бази даних біологічних послідовностей містять помилки?

Яка із баз даних з'явилася першою і чому?

Що таке ідентифікатор запису у базі даних?

За якими критеріями можна здійснювати пошук у базах даних?

Як поповнюються бази даних біологічних послідовностей?

Що являє собою база GenBank і як вона виникла?

З яких джерел надходить інформація про послідовності ДНК та РНК до GenBank?

Що є результатом вирівнювання у базі GenBank?

З яких джерел надходить інформація про послідовності до Protein Data Bank?

Які допоміжні функції має база даних Protein Data Bank?

Що являє собою база PubMed? З яких елементів вона складається?

Яку функцію виконує опція Truncation у базі PubMed?

Які основні функції має платформа Web of Science?

Які корисні функції для роботи з науковими публікаціями має програма Mendeley?

Для чого використовують плагін reflect.ws?

Для чого застосовується програма UCSF Chimera?

Навіщо потрібен заголовок у FASTA-файлі?

Для чого у програмі UCSF Chimera використовується розфарбовування різних ділянок моделі різними кольорами?

Для чого застосовується редактор JalView?

Як у одному FASTA-файлі зберігаються кілька послідовностей?

Он-лайн ресурси для проведення множинного вирівнювання біологічних послідовностей.

Рекомендована література:

1. 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.

2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. UniProt Consortium. UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2023. Nucleic Acids Res. 2022 Nov 21;gkac1052. doi: 10.1093/nar/gkac1052. Epub ahead of print. PMID: 36408920.
6. Theodosiou T, Papanikolaou N, Savvaki M, Bonetto G, Maxouri S, Fakourelis E, Eliopoulos AG, Tavernarakis N, Amoutzias GD, Pavlopoulos GA, Aivaliotis M, Nikolettou V, Tzamarias D, Karagogeos D, Piopoulos 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.

ТЕМА 16. ФАРМАКОГЕНЕТИКА ЯК СТРУКТУРНА ЧАСТИНА ФАРМАКОГЕНОМІКИ (6 ГОД.)

Практичне заняття (2 год.):

Генетична різниця у ферментативному метаболізмі лікарських препаратів.

Концепція індивідуальної лікарської терапії.

Вивчення великої кількості варіацій генома.

Молекулярні маркери, що визначають лікарську терапію.

Технічна сторона фармакогенетики і геноміки.

Поясніть різницю між фармакогенетикою та фармакогеномікою.

Що таке генетичний поліморфізм?

У чому полягає важливість вивчення фармакогенетики для юридичних, соціальних та етнічних наслідків?

Поясніть вплив поліморфізму на процеси ацетилювання у метаболізмі.

Поясніть, як індивідуальний підхід в медицині може спрацьовувати у повсякденній медичній практиці.

У чому полягає суть індивідуальної лікарської терапії?

Яким чином відбувається утворення набору токсикогенних та детоксикаційних генів окремої людини?

Що таке медико-асоційовані поліморфізми?

Які основні інформаційні технології застосовуються у фармакогенетичних дослідженнях?

У чому полягає суть терапії, що визначається використанням молекулярних маркерів?

Поясніть принцип фармакогенетичних та геномних досліджень.

Наведіть основні проблеми у дослідженні відповіді на ліки.

Завдання для самостійної роботи (4 год.):

Основні інформаційні технології, що застосовуються у фармакогенетичних дослідженнях.

Рекомендована література:

1. Roden DM, McLeod HL, Relling MV, Williams MS, Mensah GA, Peterson JF, Van Driest SL. Pharmacogenomics. *Lancet*. 2019 Aug 10;394(10197):521-532. doi: 10.1016/S0140-6736(19)31276-0. Epub 2019 Aug 5. PMID: 31395440; PMCID: PMC6707519.
2. Cecchin E, Stocco G. Pharmacogenomics and Personalized Medicine. *Genes (Basel)*. 2020 Jun 22;11(6):679. doi: 10.3390/genes11060679. PMID: 32580376; PMCID: PMC7348959.
3. 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. *Clin Exp Pharmacol Physiol*. 2019 Aug;46(8):689-693. doi: 10.1111/1440-1681.13097. Epub 2019 May 16. PMID: 31009088.
4. Wysocki K, Seibert D. Pharmacogenomics in clinical care. *J Am Assoc Nurse Pract*. 2019 Aug;31(8):443-446. doi: 10.1097/JXX.0000000000000254. PMID: 31348145.
5. 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. *Drug Discov Today*. 2021 Aug;26(8):1776-1783. doi: 10.1016/j.drudis.2021.04.015. Epub 2021 Apr 20. PMID: 33892143.

Рекомендована література

1. Джон В. Кресвелл, Дж. Девід Кресвелл. Дизайн дослідження: підходи на основі якісних, кількісних і змішаних методів / Перекл. ІгорсКобель, Тарас Кобель. Львів: Видавництво Українського католицького університету, 2022. 284 с.
2. Голованова І. А. Основи медичної статистики : навч. посіб. для аспірантів та клінічних ординаторів / І. А. Голованова, І. В. Белікова, Н. О. Ляхова. – Полтава, 2017. – 113 с.
3. Біостатистика: підручник / [Грузева Т. С., Лехан В. М., Огнев В. А. та ін.] ; за заг. ред. Грузевої Т. С. – Вінниця : Нова Книга, 2020. – 384 с.
4. Біостатистика. Підручник. За загальною редакцією члена-кореспондента АМН України, професора В.Ф. Москаленка. - К.: Книга плюс, 2009. — 184 с.
5. Статистика: підручник / С. І. Пирожков, В. В. Рязанцева, Р. М. Моторин та ін. – Київ: Київ. нац. торг.-екон. ун-т, 2020. – 328 с.
6. Мармоза А.Т. Статистика: Підручник. - К: Ельга, КНТ, 2009. -896 с.
7. Ткач Є.І. Загальна теорія статистики: Підручник. - Тернопіль.: Лідер, 2004. - 388 с.
8. Голованова І. А., Белікова І. В., Ляхова Н. О. Основи медичної статистики. – 2017. – 113 с.
9. Вапків П.Г., Пастер ПЛ., Сторожук В.П., Ткач Є.І. Теорія статистики: Навчальний посібник. - К.: Либідь, 2001. - 320 с.
10. Мазуренко В.П. Теорія статистики: Навчальний посібник - К.: Видавничо-поліграфічний центр "Київський університет", 2006. - 232 с.
11. Мармоза А.Т. Практикум з математичної статистики: Навчальний посібник. - К.: Кондор, 2009. - 264 с.
12. Мармоза А.Т. Теорія статистики: Навчальний посібник. - К: Ельга, Ніка - Центр, 2003. - 392 с.
13. Матковський С.О., Гальків Л.І., Гринькевич О.С, Сорочак О.З. Статистика: Навчальний посібник - Львів.: "Новий Світ", 2009. - 430 с.
14. Тарасенко Т.О. Статистика: Навчальний посібник. - К.: Центр навчальної літератури, 2006. - 344 с.
15. Aviva Petrie, Caroline Sabin. Medical Statistics at a Glance. 1st Edition. Publisher: Wiley-Blackwell; 1st edition 2000. 138 p.
16. В. В. Бабієнко, А.В. Мокієнко, В. Ю. Левковська Б125 Біостатистика : навчально-методичний посібник / Бабієнко В. В., Мокієнко А. В., Левковська В. Ю. - Одеса : Прес-кур'єр, 2022. 180 с.
17. Rosner B. Fundamentals of biostatistics. – Cengage learning, 2015. – 942 p.
18. Pagano M., Gauvreau K., Mattie H. Principles of biostatistics. – CRC Press, 2022.
19. Gerstman B. B. Basic biostatistics. – Jones & Bartlett Learning, LLC, 2014.
20. Kaps M., Lamberson W. R. (ed.). Biostatistics for animal science. – Cabi, 2017.
21. Glover T., Mitchell K. An introduction to biostatistics. – Waveland Press, 2008.
22. Chan Y. H. Biostatistics 104: correlational analysis //Singapore Med J. – 2003. – Т. 44. – №. 12. – С. 614-619.
23. Kestenbaum V. Epidemiology and biostatistics //An Introduction to Clinical Research. – 2009
24. 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.
25. 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).

26. 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.
27. 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>.
28. 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>
29. 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.
30. 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.
31. 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.
32. 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.
33. UniProt Consortium. UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2023. *Nucleic Acids Res*. 2022 Nov 21;gkac1052. doi: 10.1093/nar/gkac1052. Epub ahead of print. PMID: 36408920.
34. Theodosiou T, Papanikolaou N, Savvaki M, Bonetto G, Maxouri S, Fakourelis E, Eliopoulos AG, Tavernarakis N, Amoutzias GD, Pavlopoulos GA, Aivaliotis M, Nikolettou V, Tzamarias D, Karagogeos 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.
35. 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.
36. 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.
37. 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.
38. 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.
39. 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.
40. 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.

41. 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.
42. 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.
43. 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.
44. 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.
45. 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.
46. 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.
47. 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: 10.1038/msb.2011.75. PMID: 21988835; PMCID: PMC3261699.
48. Rubio-Largo Á, Vanneschi L, Castelli M, Vega-Rodríguez MA. Reducing Alignment Time Complexity of Ultra-Large Sets of Sequences. *J Comput Biol*. 2017 Nov;24(11):1144-1154. doi: 10.1089/cmb.2017.0097. Epub 2017 Jul 7. PMID: 28686466.
49. Jain M, Koren S, Miga KH, Quick J, Rand AC, Sasani TA, Tyson JR, Beggs AD, Dilthey 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. *Nat Biotechnol*. 2018 Apr;36(4):338-345. doi: 10.1038/nbt.4060. Epub 2018 Jan 29. PMID: 29431738; PMCID: PMC5889714.
50. Liao Y, Smyth GK, Shi W. The R package Rsubread is easier, faster, cheaper and better for alignment and quantification of RNA sequencing reads. *Nucleic Acids Res*. 2019 May 7;47(8):e47. doi: 10.1093/nar/gkz114. PMID: 30783653; PMCID: PMC6486549.
51. Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Brief Bioinform*. 2019 Jul 19;20(4):1160-1166. doi: 10.1093/bib/bbx108. PMID: 28968734; PMCID: PMC6781576.
52. Sun J, Chen K, Hao Z. Pairwise alignment for very long nucleic acid sequences. *Biochem Biophys Res Commun*. 2018 Jul 20;502(3):313-317. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.05.134. Epub 2018 May 29. PMID: 29800571.
53. 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. *Nat Commun*. 2021 Nov 12;12(1):6566. doi: 10.1038/s41467-021-26865-w. PMID: 34772935; PMCID: PMC8589834.
54. König S, Romoth L, Stanke M. Comparative Genome Annotation. *Methods Mol Biol*. 2018;1704:189-212. doi: 10.1007/978-1-4939-7463-4_6. PMID: 29277866.
55. Huang J, Dai Q, Yao Y, He PA. A Generalized Iterative Map for Analysis of Protein Sequences. *Comb Chem High Throughput Screen*. 2022;25(3):381-391. doi: 10.2174/1386207323666201012142318. PMID: 33045963.
56. Deorowicz S, Walczyszyn J, Debudaj-Grabysz A. CoMSA: compression of protein multiple sequence alignment files. *Bioinformatics*. 2019 Jan 15;35(2):227-234. doi: 10.1093/bioinformatics/bty619. PMID: 30010777.

57. Ranwez V, Chantret N, Delsuc F. Aligning Protein-Coding Nucleotide Sequences with MACSE. *Methods Mol Biol.* 2021;2231:51-70. doi: 10.1007/978-1-0716-1036-7_4. PMID: 33289886.
58. Bergensträhle J, Larsson L, Lundeberg J. Seamless integration of image and molecular analysis for spatial transcriptomics workflows. *BMC Genomics.* 2020 Jul 14;21(1):482. doi: 10.1186/s12864-020-06832-3. PMID: 32664861; PMCID: PMC7386244.
59. Suzuki Y. Informatics for PacBio Long Reads. *Adv Exp Med Biol.* 2019;1129:119-129. doi: 10.1007/978-981-13-6037-4_8. PMID: 30968364.
60. Marco-Sola S, Moure JC, Moreto M, Espinosa A. Fast gap-affine pairwise alignment using the wavefront algorithm. *Bioinformatics.* 2021 May 1;37(4):456-463. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa777. PMID: 32915952; PMCID: PMC8355039.
61. Liu S, Wang Y, Tong W, Wei S. A fast and memory efficient MLCS algorithm by character merging for DNA sequences alignment. *Bioinformatics.* 2020 Feb 15;36(4):1066-1073. doi: 10.1093/bioinformatics/btz725. PMID: 31584616.
62. den DM, McLeod HL, Relling MV, Williams MS, Mensah GA, Peterson JF, Van Driest SL. Pharmacogenomics. *Lancet.* 2019 Aug 10;394(10197):521-532. doi: 10.1016/S0140-6736(19)31276-0. Epub 2019 Aug 5. PMID: 31395440; PMCID: PMC6707519.
63. Cecchin E, Stocco G. Pharmacogenomics and Personalized Medicine. *Genes (Basel).* 2020 Jun 22;11(6):679. doi: 10.3390/genes11060679. PMID: 32580376; PMCID: PMC7348959.
64. 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. *Clin Exp Pharmacol Physiol.* 2019 Aug;46(8):689-693. doi: 10.1111/1440-1681.13097. Epub 2019 May 16. PMID: 31009088.
65. Wysocki K, Seibert D. Pharmacogenomics in clinical care. *J Am Assoc Nurse Pract.* 2019 Aug;31(8):443-446. doi: 10.1097/JXX.0000000000000254. PMID: 31348145.
66. 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. *Drug Discov Today.* 2021 Aug;26(8):1776-1783. doi: 10.1016/j.drudis.2021.04.015. Epub 2021 Apr 20. PMID: 33892143.

ПИТАННЯ НА ЗАЛІК

1. Теорія та поняття статистичного спостереження, етапи його проведення.
2. Методологічні основи форми та способи статистичного спостереження та збору даних. Джерела статистичної інформації.
3. Види статистичних даних, статистична звітність, вибіркові дослідження. Групування статистичних даних.
4. Статистичні таблиці, їх характеристика, види, правила побудови.
5. Поняття про статистичні показники, їх види, форма представлення.
6. Абсолютні дані, відносні величини, їх практичне значення.
7. Види відносних величини, методика їх розрахунку та методичні основи їх застосування.
8. Графічні методи аналізу даних. Види графіків, правила їх побудови.
9. Поняття про фактори ризику. Показники ризику, методика їх розрахунку та аналізу.
10. Абсолютний, додатковий ризик. Відносний ризик, додатковий популяційний ризик. Відношення шансів. Практичне використання.
11. Види рядів динаміки. Основні правила побудови та аналізу динамічних рядів. Основні показники аналізу динамічних рядів.
12. Основні прийоми обробки динамічного ряду з метою визначення тренду.
13. Середні величини в клінічних та епідеміологічних дослідженнях, їх види, практичне значення. Методи розрахунку. Поняття варіації, їх значення.
14. Мінливість параметрів сукупності, методи оцінки. Абсолютні показники варіації, середнє квадратичне відхилення, їх оцінка.
15. Вибіркове дослідження як джерело статистичної інформації. Методи формування вибірки.
16. Нульова та альтернативні гіпотези. Похибка першого та другого
17. роду.
18. Рівень значимості статистичних критеріїв.
19. Середня похибка середньої та відносної величин, довірчий інтервал.
20. Оцінка вірогідності різниці: критерій Стюдента, методика розрахунку, його оцінка, типові помилки використання.
21. Обґрунтування випадків використання непараметричних методів оцінки, їх значення.
22. Види порівнювальних сукупностей, їх характеристика.
23. Аналіз та оцінка результатів у пов'язаних сукупностях
24. Перевірка статистичної гіпотези для незалежних сукупностей.
25. Вивчення зв'язку між кількісними перемінними.
26. Кореляція, види коефіцієнтів кореляції. Коефіцієнт лінійної кореляції. Коефіцієнт рангової кореляції.
27. Коефіцієнти регресії.

28. Що таке біоінформатика?
29. Де зберігаються біоінформаційні дані?
30. Коли біоінформатика виділилася у окрему наукову галузь?
31. Які основні питання входять до предмету біоінформатики?
32. Які основні напрямки розвитку біоінформатики?
33. У чому полягає фізична суть методу секвенування?
34. Які є напрямки використання мас-спектрометрів у біології?
35. Яка фізична суть методу хроматографії?
36. У чому полягає суть центральної догми молекулярної біології?
37. Які білки називаються гомологічними?
38. У чому заключається різниця між термінами «аналогія» та «гомологія»?
39. Який процес називається вирівнюванням біологічних послідовностей?
40. Які існують види вирівнювання біологічних послідовностей?
41. Що таке множинне вирівнювання біологічних послідовностей?
42. Суть базового принципу вирівнювання біологічних послідовностей?
43. Суть принципу матриці крапоу у вирівнюванні біологічних послідовностей?
44. Як визначається число можливих вирівнювань для двох біологічних послідовностей?
45. У чому заключається суть методу вирівнювання Ніделмана – Вунша?
46. У чому заключається суть методу вирівнювання Сміта–Уотермена?
47. З яких етапів складається процес секвенування?
48. Які маси ДНК використовують для секвенування?
49. Назвіть методи розрізання ДНК.
50. Що таке фермент-рестриктаза?
51. У чому полягає суть методу дробовика?
52. Що таке клонування ДНК?
53. Для чого у процесі секвенування застосовують плазмідні?
54. Як проходить процес реплікації ДНК у плазміді?
55. Як проходить процес термі нації ланцюга ДНК?
56. У чому полягає суть секвенування по методу Сенгера?
57. Який процес називають збором контигів?
58. У чому полягає суть технології ПЛР?
59. Які основні характеристики геному людини?
60. Які новітні методи секвенування існують сьогодні? У чому їх суть?
61. На основі якого алгоритму працює програма ClustalW?
62. У яких варіантах представлена програма ClustalW? Назвіть особливості кожного з них.
63. Назвіть основні можливості програми ClustalW.
64. З якими форматами даних дозволяє працювати програма MUSCLE?
65. Яку функцію виконує опція Output Tree?
66. У чому заключається суть індексу цитування?
67. Назвіть основні переваги роботи з ресурсом Google Scholar.

68. Назвіть причини створення біологічних баз даних.
69. Чому бази даних біологічних послідовностей містять помилки?
70. Яка із баз даних з'явилася першою і чому?
71. Що таке ідентифікатор запису у базі даних?
72. За якими критеріями можна здійснювати пошук у базах даних?
73. Як поповнюються бази даних біологічних послідовностей?
74. Що являє собою база GenBank і як вона виникла?
75. З яких джерел надходить інформація про послідовності ДНК та РНК до GenBank?
76. Що є результатом вирівнювання у базі GenBank?
77. З яких джерел надходить інформація про послідовності до Protein Data Bank?
78. Які допоміжні функції має база даних Protein Data Bank?
79. Що являє собою база PubMed? З яких елементів вона складається?
80. Яку функцію виконує опція Truncation у базі PubMed?
81. Які основні функції має платформа Web of Science?
82. Які корисні функції для роботи з науковими публікаціями має програма Mendeley?
83. Для чого використовують плагін reflect.ws?
84. Для чого застосовується програма UCSF Chimera?
85. Навіщо потрібен заголовок у FASTA-файлі?
86. Для чого у програмі UCSF Chimera використовується розфарбовування різних ділянок моделі різними кольорами?
87. Для чого застосовується редактор JalView?
88. Як у одному FASTA-файлі зберігаються кілька послідовностей?
89. Що таке філогенія?
90. Яким чином відбувається візуалізація у філогенетичному аналізі?
91. Які програми для вирівнювання послідовностей, крім MUSCLE, використовує пакет Phylogeny.fr?
92. Яка суть методу найбільшої правдоподібності?
93. У чому заключається принцип найбільшої економії?
94. У чому заключається принцип Байєса?
95. Які програми для побудови філогенетичних дерев має пакет Phylogeny.fr?
96. Поясніть різницю між фармакогенетикою та фармакогеномікою.
97. Що таке генетичний поліморфізм?
98. У чому полягає важливість вивчення фармакогенетики для юридичних, соціальних та етнічних наслідків?
99. Поясніть вплив поліморфізму на процеси ацетилювання у метаболізмі.
100. Поясніть, як індивідуальний підхід в медицині може спрацьовувати у повсякденній медичній практиці.
101. У чому полягає суть індивідуальної лікарської терапії?
102. Яким чином відбувається утворення набору токсикогенних та детоксикаційних генів окремої людини?

103. Що таке медико-асоційовані поліморфізми?

104. Які основні інформаційні технології застосовуються у фармакогенетичних дослідженнях?

105. У чому полягає суть терапії, що визначається використанням молекулярних маркерів?

106. Поясніть принцип фармакогенетичних та геномних досліджень.

107. Наведіть основні проблеми у дослідженні відповіді на ліки.