



**ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ ОСНОВЫ БИОТЕХНОЛОГИИ
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК**

«ПРИНЯТО»

Решением Ученого совета,
протокол № 7 от 26.09.2025 г.

«УТВЕРЖДАЮ»

Директор
д.б.н.



А.Н. Федоров

ПРОГРАММА ПОВЫШЕНИЯ КВАЛИФИКАЦИИ

«Основы современной интегративной структурной биологии»

Москва, 2025 г.

1.Общая характеристика программы

1.1. Цель реализации программы

Целью реализации программы повышения квалификации «Основы современной интегративной структурной биологии» является получение слушателями новых компетенций о спектре основных методов современной интегративной структурной биологии и возможностях, предоставляемых данными методами, при решении биологических задач, повышение профессионального уровня специалистов в рамках имеющейся квалификации.

Программа реализуется во исполнение Соглашения о предоставлении из федерального бюджета грантов в форме субсидий № 075-15-2025-454 от 23.05.2025 (заказчик Министерство науки и высшего образования Российской Федерации, головной исполнитель ФИЦ Биотехнологии РАН).

Задачи программы:

- получить знания об основных методах современной интегративной структурной биологии и принципах их работы;
- получить информацию о задачах, решаемых с помощью интегративной структурной биологии;
- повышение квалификации работников организаций, осуществляющих деятельность в области биотехнологий и биомедицины;
- непрерывное обновление компетенций слушателей в соответствии с актуальными тенденциями развития науки и практики в тематической области.

При разработке программы повышения квалификации были учтены требования к профессиональным и универсальным компетенциям Федерального государственного образовательного стандарта высшего образования 06.04.01 Биология (Приказ Министерства науки и высшего образования РФ от 11.08.2011 г. № 934 «Об утверждении федерального государственного образовательного стандарта высшего образования – магистратура по направлению подготовки 06.04.01 Биология.)).

В результате участия в программе участники должны овладеть знаниями, умениями, навыками по вопросу использования основных методов современной структурной биологии и их применения для решения задач биохимии, биофизики, биотехнологии и биомедицины.

1.2. Планируемые результаты обучения

В соответствии с федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования 06.04.01 Биология (Приказ Министерства науки и высшего образования РФ от 11.08.2011 г. № 934 «Об утверждении федерального государственного образовательного стандарта высшего образования – магистратура по направлению подготовки 06.04.01 Биология) слушатель, освоивший программу, должен обладать следующими общепрофессиональными компетенциями:

ОПК-1. Способен использовать и применять фундаментальные биологические представления и современные методологические подходы для постановки и решения новых нестандартных задач в сфере профессиональной деятельности;

ОПК-2. Способен творчески использовать в профессиональной деятельности знания фундаментальных и прикладных разделов дисциплин (модулей), определяющих направленность программы магистратуры;

ОПК-5. Способен участвовать в создании и реализации новых технологий в сфере профессиональной деятельности и контроле их экологической безопасности с использованием живых объектов;

ОПК-7. Способен в сфере своей профессиональной деятельности самостоятельно определять стратегию и проблематику исследований, принимать решения, в том числе инновационные, выбирать и модифицировать методы, отвечать за качество работ и внедрение их результатов, обеспечивать меры производственной безопасности при решении конкретной задачи.

Слушатель, освоивший программу, должен обладать универсальными компетенциями, соответствующими виду (видам) профессиональной деятельности, на который (которые) ориентирована программа:

УК-1. Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий;

УК-2. Способен управлять проектом на всех этапах его жизненного цикла;

УК-6. Способен определять и реализовывать приоритеты собственной деятельности и способы ее совершенствования на основе самооценки.

В результате освоения программы

слушатель должен знать:

- о задачах, решаемых с помощью современной интегративной структурной биологии;
- базовые принципы основных методов интегративной структурной биологии;
- стадии реализации указанных методов, их преимущества и ограничения;
- требования к инфраструктуре для реализации указанных методов.

слушатель должен уметь:

- выбирать наиболее оптимальный для решения возникающих задач метод (совокупность методов) интегративной структурной биологии;

слушатель должен владеть:

- понятийным аппаратом методов современной интегративной структурной биологии;
- базовыми навыками работы с программными пакетами для дизайна белков *de novo*, молекулярного моделирования, обработки экспериментальных данных, полученных методами криоэлектронной микроскопии, малоуглового рентгеновского анализа, рентгеноструктурного анализа и масс-спектрометрии, визуализации структурных данных;

1.3. Категория слушателей

К освоению программы допускаются лица, имеющие среднее профессиональное или высшее образование в области биологии, химии, физики, математики, в т.ч. работники науки и образования, имеющие специальное образование.

1.4. Трудоемкость программы

Нормативная трудоемкость программы повышения квалификации составляет 72 часа, включая все виды аудиторной, внеаудиторной (самостоятельной) учебной работы слушателя и контроль качества полученных знаний.

1.5. Форма обучения

Очная форма обучения без отрыва от работы.

2. Содержание программы

2.1. Учебный план

№	Наименование разделов, дисциплин	Общая трудоемкость, ч.	Всего ауд., ч.	Аудиторные занятия, ч.			СРС ¹ , в т.ч. КСР ² , ч.	Форма контроля
				Лекции	Лабораторные работы	Практические и семинарские занятия		
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	Лазер на свободных электронах (XFEL)	8	4	4			4	О ³
2	Искусственный интеллект в биологии	12	8	4		4	4	О
3	Масс-спектрометрия	8	4	4			4	О
4	Малоугловое рентгеновское рассеяние	8	4	4			4	О
5	Спектроскопия в исследовании белков	8	4	4			4	О
6	Методы молекулярного моделирования	12	8	4		4	4	О
7	Криоэлектронная микроскопия	12	8	4		4	4	О
8	Итоговая аттестация	4	2				2	
Итого:		72	42	28		12	30	

¹ СРС – Самостоятельная работа слушателя

² КСР – Контрольно- самостоятельная работа слушателя

³ О – Устный опрос

2.2. Учебно-тематический план

№	Наименование разделов, дисциплин	Общая трудоемкость, ч.	Всего ауд., ч.	Аудиторные занятия, ч.			СРС ⁴ , в т.ч. КСР ⁵ , ч.	Форма контроля
				Лекции	Лабораторные работы	Практические и семинарские занятия		
1	2	3	4	5	6	7	8	9
Раздел 1. Лазер на свободных электронах (XFEL)								
1.1	Принцип метода лазера на свободных электронах, ограничения метода. Необходимая инфраструктура. Схема эксперимента. Требования к образцам.	4	2	2			2	О
1.2	Применение метода для решения типовых биологических задач	4	2	2			2	О
Раздел 2. Искусственный интеллект в биологии								
2.1	Направления использования ИИ в биологических задачах. Генеративный искусственный интеллект в задаче фолдинга белков.	6	4	2		2	2	О
2.2	Моделирование белков <i>de novo</i> с использованием алгоритмов генеративного искусственного интеллекта. Основной инструментарий, граничные условия, механизмы оценки и верификации результата	6	4	2		2	2	О

Раздел 3. Масс-спектрометрия								
3.1	Физический принцип масс-спектрометрии, области применения, ограничения. Типы масс-спектрометрии. Применение метода для решения типовых биологических задач	8	4	4			4	О
Раздел 4. Малоугловое рентгеновское рассеяние								
4.1	Принцип метода малоуглового рентгеновского рассеяния, ограничения метода. Схема эксперимента. Требования к образцам. Инфраструктура для проведения эксперимента.	4	2	2			2	О
4.2	Применение метода для решения типовых биологических задач	4	2	2			2	
Раздел 5. Спектроскопия в исследовании белков								
5.1	Методы спектроскопии в биологических задачах. Схема эксперимента. Требования к образцам. Инфраструктура для проведения эксперимента. Применение спектроскопических методов при решении типовых биологических задач	8	4	4			4	О
Раздел 6. Методы молекулярного моделирования в исследовании биологических систем								
6.1	Методы молекулярного моделирования для описания биологических систем. Методы молекулярного докинга, молекулярной	4	2	2			2	О

	динамики, комбинированные методы квантовой и молекулярной механики.							
6.2	Решение типовых биологических задач методами молекулярного моделирования.	8	6	2		4	2	0
Раздел 7. Криоэлектронная микроскопия								
7.1	Принцип метода, преимущества и ограничения. Схема эксперимента. Подготовка образцов (витрификация).	4	2	2			2	0
7.2	Использование метода криоэлектронной микроскопии для решения типовых биологических задач.	8	6	2		4	2	0
Раздел 8. Итоговая аттестация								
8.1	Итоговая аттестация	4	2				2	зачет
	Итого:	72	2	28	0	12	30	

2.3. Рабочая учебная программа «Основы современной интегративной структурной биологии»

Раздел 1. Лазер на свободных электронах (XFEL)

Тема 1.1.

Принцип метода лазера на свободных электронах, ограничения метода. Необходимая инфраструктура. Схема эксперимента. Требования к образцам.

Содержание: Базовая теория кристаллизации макромолекул. Взаимодействие рентгеновского излучения с веществом. Основы метода рентгеноструктурного анализа, специфика метода лазера на свободных электронах. Инфраструктура станции для проведения экспериментов методом лазера на свободных электронах. Схема эксперимента.

Перечень практических (семинарских) занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Обзор литературы в тематической области	Электронные инструменты в форматах Microsoft Word и Adobe PDF	2

Тема 1.2.

Применение метода для решения типовых биологических задач

Содержание: Обработка данных, полученных на лазере на свободных электронах, для модельного белка: индексирование дифракционных картин, полученных от множественных кристаллов, кластеризация и объединение данных, определение точечной группы симметрии, правила погасания и определение пространственной группы симметрии, интегрирование и шкалирование данных. Решение проблемы фаз, кристаллографическое уточнение структуры.

Перечень практических (семинарских) занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Обработка тестовых данных, полученных с применением лазера на свободных электронах.	ПО Cheetah и CASS	2

Раздел 2. Искусственный интеллект в биологии

Тема 2.1.

Направления использования ИИ в биологических задачах. Генеративный искусственный интеллект в задаче фолдинга белков.

Содержание: Задача белкового фолдинга и ее сложность. Современное состояние методов предсказания структуры белка на основе машинного обучения, отличие от расчетных методов, основанных на силовых полях. Принцип работы. Преимущества и ограничения методов ИИ.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	Алгоритмы, лежащие в основе предсказания белковой структуры	2

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Разбор алгоритма работы сервиса предсказания белковой структуры AlphaFOLD3	Электронные инструменты в форматах Microsoft Word и Adobe PDF, ПО AlphaFOLD3	2

Тема 2.2.

Моделирование белков *de novo* с использованием алгоритмов генеративного искусственного интеллекта.

Содержание: Задача моделирования, отличие от классического моделирования методами молекулярной динамики. Основной инструментарий и ограничения. Механизмы и критерии оценки, верификация результата моделирования.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	Моделирование полиглициновой модели белка <i>de novo</i> в программе RFDiffusion	2

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Моделирование белков <i>de novo</i> с последующей верификацией полученных моделей.	ПО RFDiffusion, ProteinMPNN и AlphaFOLD3	2

Раздел 3. Масс-спектрометрия

Тема 3.1

Физический принцип масс-спектрометрии, области применения, ограничения. Типы масс-спектрометрии. Применение метода для решения типовых биологических задач

Содержание: Методы ионизации молекул пептидов и белков. Измерение молекулярной массы пептидов и белков. Масс-спектрометрическое секвенирование. Идентификация белков и пептидов. Количественный анализ белков с использованием высокоэффективной жидкостной хроматографии–масс-спектрометрии.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Обработка исходных масс-спектрометрических данных модельного белка.	ПО OpenMS	4

Раздел 4. Малоугловое рентгеновское рассеяние

Тема 4.1.

Принцип метода малоуглового рентгеновского рассеяния, ограничения метода. Схема эксперимента. Требования к образцам. Инфраструктура для проведения эксперимента. Содержание: Физические основы метода малоуглового рентгеновского рассеяния. Графики Кратки и Порода. Оценка размеров биологических структур, восстановление и уточнение их формы. Расчет распределений частиц по размерам для полидисперсных систем. Используемые источники рентгеновского излучения, схема эксперимента и требования к образцам.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Анализ литературы в предметной области	Электронные инструменты в форматах Microsoft Word и Adobe PDF	2

Тема 4.2.

Применение метода для решения типовых биологических задач
Содержание: Обработка данных, полученных на синхротронном источнике для модельного белка методом малоуглового рентгеновского рассеяния. Оценка размера частиц и гетерогенности. Моделирование формы молекулы. Фиттинг имеющихся структур и критерии отбора.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
-------	---------	------------	-------	------------------

1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Обработка тестовых данных, полученных с методом малоуглового рентгеновского рассеяния.	ПО ATSAS	2
---	---	--	----------	---

Раздел 5. Спектроскопия в исследовании белков

Тема 5.1

Методы спектроскопии в биологических задачах. Схема эксперимента. Требования к образцам. Инфраструктура для проведения эксперимента. Применение спектроскопических методов при решении типовых биологических задач.

Содержание: Методы оптической спектроскопии для исследования структуры, стабильности и конформационной подвижности белков. Электронно-конформационные взаимодействия в пигмент-белковых комплексах. Зонды для флуоресцентного мечения белков, FRET-пары. Флуоресцентные и фотоактивные белки. Спектроскопия высокого временного разрешения и исследования структуры белков в режиме накачка-зондирование.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Анализ литературы, содержащий результаты спектроскопических исследований белков, содержащих каротеноиды.	Электронные инструменты в форматах Microsoft Word и Adobe PDF	4

Раздел 6. Методы молекулярного моделирования в исследовании биологических систем

Тема 6.1.

Методы молекулярного моделирования для описания биологических систем. Методы молекулярного докинга, молекулярной динамики, комбинированные методы квантовой и молекулярной механики.

Содержание: Методы описания биомакромолекулярных систем. Методы расчёта энергий и сил: классическая механика и квантовая химия. Классическое описание системы, силовые поля, заряды на атомах, параметры ковалентных и нековалентных взаимодействий, типирование атомов. Квантовое представление молекул как устойчивой системы ядер и электронов. Молекулярная динамика, интегрирование уравнений движения Ньютона. Поиск стационарных точек на поверхности потенциальной энергии, минимумы и седловые точки. Метод молекулярного докинга, алгоритмы поиска сайтов связывания. Комбинированные методы квантовой и молекулярной механики для описания химических и фотохимических процессов в белках.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Анализ литературной работы, содержащей результаты молекулярного докинга для позиционирования субстрата, молекулярной динамики для релаксации комплекса и КМ/ММ для расчета энергетического профиля химической реакции.	Электронные инструменты в форматах Microsoft Word и Excel	2

Тема 6.2.

Решение типовых биологических задач методами молекулярного моделирования.

Содержание: Сравнение программ молекулярного докинга. Металлоферменты и молекулярный докинг. Сравнение методов квантовой химии для решения задач ферментативного катализа. Примеры ограничений классических подходов при описании реакционных систем: примеры фермент-субстратных комплексов.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	Молекулярный докинг малый молекул	4

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	На примере предложенной реакции ферментативного катализа проанализировать литературу и сопоставить полученные в рамках разных вычислительных протоколов результаты.	Электронные инструменты в форматах Microsoft Word и Excel	2

Раздел 7. Криоэлектронная микроскопия

Тема 7.1.

Принцип метода, преимущества и ограничения. Схема эксперимента. Подготовка образцов (витрификация).

Содержание: Взаимодействие электронов с веществом. Строение криоэлектронного микроскопа и принцип его работы. Схема эксперимента. Витрификация образца и

типичные сложности на этой стадии. Обработка экспериментальных данных, коррекция дрейфа, STF-коррекция. Поиск частиц и получение первичной *ab initio* модели. Гомогенное и гетерогенное уточнение.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	нет	-

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Проведение первичной обработки криоЭМ данных для модельного фермента бутирилхолинэстеразы.	ПО CryoSPARC	2

Тема 7.2.

Использование метода криоэлектронной микроскопии для решения типовых биологических задач.

Содержание: Типовые задачи, решаемые методом криоэлектронной микроскопии. Особенности обработки экспериментальных данных, полученных на криоэлектронном микроскопе, для различных типов объектов: растворимых и мембранных белков, амилоидных структур, вирусных капсидов.

Перечень практических занятий

№ п/п	Наименование практических (семинарских) занятий	Трудоемкость, ч.
1	Обработка экспериментальных данных, полученных на криоэлектронном микроскопе Titan Krios для модельного белка	4

Виды самостоятельной работы слушателей (СРС)

№ п/п	Вид СРС	Содержание	Форма	Трудоемкость, ч.
1	Внеаудиторные, реконструктивно-вариативные работы	Обработка экспериментальных данных, полученных на криоэлектронном микроскопе Titan Krios для модельного белка	ПО CryoSPARC	2

Форма текущего контроля: устный опрос, проверка выполнения реконструктивно-вариативных работ слушателей.

Форма промежуточной аттестации: не предусмотрено.

Примерный перечень вопросов для самоконтроля:

1. В чем состоит принципиальное отличие метода лазера на свободных электронах от классического рентгеноструктурного анализа?

2. В чем состоит особенность обработки данных, полученных методом лазера на свободных электронах?
3. В чем состоит сложность задачи белкового фолдинга?
4. В чем отличие белкового фолдинга алгоритмом AlphaFOLD и методами молекулярной динамики?
5. Какие методы ионизации существуют для масс-спектрометрии белковых молекул?
6. Чем хромато-масс-спектрометрия отличается от просто масс-спектрометрии?
7. Назовите основные методы оптической спектроскопии для изучения конформационной подвижности белков.
8. Каковы достоинства и недостатки флуоресцентного мечения белков для изучения конформационной подвижности?
9. Назовите основные методы описания биомакромолекулярных систем.
10. Принцип работы криоэлектронного микроскопа и отличие от светового микроскопа.

Примерный перечень контрольных вопросов к зачету:

1. Конформационная подвижность элементов структуры белков. Особенности структурных исследований белков с высоким временным разрешением. Требования к биологическим образцам и аппаратуре.
2. Метод лазера на свободных электронах. Принцип метода, отличие от классического рентгеноструктурного анализа. Особенности обработки экспериментальных данных. Требования к образцам и инфраструктуре.
3. Метод криоэлектронной микроскопии. Строение криоэлектронного микроскопа. Витрификация. Принцип обработки данных. Возможности выявления конформационных ансамблей.
4. Принцип метода малоуглового рентгеновского рассеяния, его преимущества и ограничения. Инфраструктура и требования к образцам. Формула Гинье и радиус гирации, выявление агрегации образца. График Порода. Реконструкция формы молекулы.
5. Методы описания биомакромолекулярных систем. Методы расчёта энергий и сил: отличия подходов классической механики и квантовой химии.
6. Молекулярная динамика, интегрирование уравнений движения Ньютона. Метод молекулярного докинга, алгоритмы поиска сайтов связывания.
7. Физический принцип масс-спектрометрии, области применения, ограничения. Методы ионизации молекул пептидов и белков.
8. Масс-спектрометрическое секвенирование. Идентификация белков и пептидов. Сочетанное использование хроматографии и масс-спектрометрии.

3. Материально-технические условия реализации программы

Программа обеспечена аудиовизуальными средствами (слайды, презентации на цифровых носителях). Для проведения занятий необходим компьютер с доступом в интернет, проектор.

Наименование специализированных аудиторий, кабинетов, лабораторий	Вид занятий	Наименование оборудования, программного обеспечения
1	2	3
Конференц-зал, каб. 302, 212 корп. ИНМИ им. С.Н. Виноградского	Лекции	компьютер, мультимедийный проектор, экран
каб. 241 (корп.1), ИНБИ	Практические занятия	компьютер, мультимедийный проектор, экран

4. Учебно-методическое обеспечение программы

4.1. Печатная литература:

1. Фетисов Г.В. Синхротронное излучение. Методы исследования структуры веществ. Издательство М.: Физматлит -2007 - 672 с.
2. Свергун Д.И., Фейгин Л.А. Рентгеновское и нейтронное малоугловое рассеяние. Издательство «Наука» - 1986 – 278 с.
3. Шайтан К.В., Терешкина К.Б. Молекулярная динамика белков и пептидов. Методическое пособие. Издательство Ойкос Москва - 2004 – 103 с.
4. Морозова К. Н. Основы электронной микроскопии: учебное пособие для вузов. Издательство Юрайт – 2022 – 84 с.
5. Krishnarao Appasani Cryo-Electron Microscopy in Structural Biology. CRC Press – 2024 – 486 p.
6. Лебедева А.Т., Артеменко К.А., Самгина Т.Ю. «Основы масс-спектрометрии белков и пептидов». Издательство Техносфера – 2014 – 180 с.
7. Smith, E. Modern raman spectroscopy: A practical approach. – 2019 – 1-241.
8. Ambreen H., Nazir A, Hamadani H., Bashir J. A Biologist's Guide to Artificial Intelligence: Building the foundations of Artificial Intelligence and Machine Learning for Achieving Advancements in Life Sciences. Academic Press – 2024 – 368 p.

4.2. Электронные ресурсы:

1. Библиотека по естественным наукам Российской академии наук. URL: <http://www.benran.ru/>
2. Научно–библиографическая база данных Scopus. URL: <http://www.scopus.com/>
3. Научная электронная библиотека (НЭБ). URL: <http://elibrary.ru/>
4. Электронная библиотека Российской государственной библиотеки. URL: <http://www.rsl.ru/>
5. Журналы издательства Elsevier. URL: <http://www.sciencedirect.com/>
6. Журналы издательства Springer. URL: <http://link.springer.com/>
7. База данных ACS Web Editions. URL: <https://pubs.acs.org/>
8. База данных Full Oxford Journals Collection. URL: <https://academic.oup.com/journals>
9. База данных Orbit Premium edition. URL: <https://academic.oup.com/journals>
10. Коллекция журналов и базы данных Springer Nature. URL: <https://www.nature.com/siteindex/index.html>
11. Научно–библиографическая база данных Web of Science. URL: <https://clarivate.com>
12. База данных NCBI PubMed. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/all/>

5. Оценка качества освоения программы

Итоговая аттестация проводится в виде зачета в устной форме. При проведении зачета испытуемый выбирает случайным образом билет с вопросами, содержащий по одному вопросу теоретической и практической подготовки. В ходе зачета может быть задан дополнительный вопрос.

Также учитывается посещения слушателем лекций, выполнения заданий по итогам темы.

«Зачет» ставится в случае полноты, своевременности и качества выполнения всех видов учебной работы, предусмотренных учебным планом данной программы и утвержденным графиком учебного процесса, посещением учебных занятий.

«Незачет» ставится в случае несвоевременного выполнения видов учебных работ и отсутствия прохождения итогового тестирования.

Слушателю выдается удостоверение о повышении квалификации установленного образца при успешной сдаче итоговой аттестации.

Составитель программы: д.х.н. Попов Владимир Олегович.