

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Сыров Игорь Анатольевич
Должность: Директор
Дата подписания: 21.08.2025 20:45:23
Уникальный программный ключ:
b683afe664d7e9f64175886cf9626a196149ad36

СТЕРЛИТАМАКСКИЙ ФИЛИАЛ
ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО
УЧРЕЖДЕНИЯ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«УФИМСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ НАУКИ И ТЕХНОЛОГИЙ»

Факультет
Кафедра

Естественнонаучный
Биологии

Рабочая программа дисциплины (модуля)

дисциплина

Б1.О.13 Биоинформатика

обязательная часть

Направление

06.04.01

Биология

код

наименование направления

Программа

Биотехнология и биомедицина

Форма обучения

Очная

Для поступивших на обучение в
2022 г.

Разработчик (составитель)

канд. биол. наук, доцент
Чаус Б. Ю.

ученая степень, должность, ФИО

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций	3
2. Цели и место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы	3
3. Объем дисциплины (модуля) в зачетных единицах с указанием количества академических или астрономических часов, выделенных на контактную работу обучающихся с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающихся	3
4. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий.....	4
4.1. Разделы дисциплины и трудоемкость по видам учебных занятий (в академических часах).....	4
4.2. Содержание дисциплины, структурированное по разделам (темам)	4
5. Учебно-методическое обеспечение для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю).....	6
6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)	9
6.1. Перечень учебной литературы, необходимой для освоения дисциплины (модуля)9	
6.2. Перечень электронных библиотечных систем, современных профессиональных баз данных и информационных справочных систем	10
6.3. Перечень лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения, в том числе отечественного производства	10
7. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)	11

1. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций

Формируемая компетенция (с указанием кода)	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине (модулю)
ОПК-6. Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок;	ОПК-6.1. Знание современных компьютерных технологий, профессиональных баз данных	Обучающийся должен: знать современные компьютерные технологии, профессиональные базы данных
	ОПК-6.2. Умение творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок	Обучающийся должен: уметь творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок
	ОПК-6.3. Владение современными компьютерными технологиями, профессиональными базами данных	Обучающийся должен: владеть современными компьютерными технологиями, профессиональными базами данных

2. Цели и место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы

Цели изучения дисциплины:

Цель дисциплины: Сформировать у студентов способность самостоятельно анализировать имеющуюся информацию, выявлять фундаментальные проблемы, ставить задачу и выполнять полевые, лабораторные биологические исследования при решении конкретных задач с использованием современной аппаратуры и вычислительных средств, нести ответственность за качество работ и научную достоверность результатов.

Дисциплина реализуется в рамках обязательной части. Для освоения дисциплины необходимы компетенции, сформированные в рамках изучения следующих дисциплин: «История и методология биологии», «Современные проблемы биологии», «Системная биология».

Дисциплина изучается на 2 курсе в 4 семестре

3. Объем дисциплины (модуля) в зачетных единицах с указанием количества академических или астрономических часов, выделенных на контактную работу обучающихся с преподавателем (по видам учебных занятий) и на самостоятельную работу обучающихся

Общая трудоемкость (объем) дисциплины составляет 3 зач. ед., 108 акад. ч.

Объем дисциплины	Всего часов
	Очная форма обучения
Общая трудоемкость дисциплины	108
Учебных часов на контактную работу с преподавателем:	
лекций	10
практических (семинарских)	18
другие формы контактной работы (ФКР)	0,2
Учебных часов на контроль (включая часы подготовки):	
зачет	
Учебных часов на самостоятельную работу обучающихся (СР)	79,8

Формы контроля	Семестры
зачет	4

4. Содержание дисциплины (модуля), структурированное по темам (разделам) с указанием отведенного на них количества академических часов и видов учебных занятий

4.1. Разделы дисциплины и трудоемкость по видам учебных занятий (в академических часах)

№ п/п	Наименование раздела / темы дисциплины	Виды учебных занятий, включая самостоятельную работу обучающихся и трудоемкость (в часах)			
		Контактная работа с преподавателем			СР
		Лек	Пр/Сем	Лаб	
1	Раздел 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	4	6	0	19,8
1.1	Тема 1. Цели и задачи биоинформатики.	2	2	0	9,8
1.2	Тема 2. Биоинформатика как информационные технологии в приложении к управлению биологическими данными и их анализу.	2	4	0	10
2	Раздел 2. Базы данных в биоинформатике	6	12	0	60
2.1	Тема 1. Первичные базы данных	2	4	0	20
2.2	Тема 2. База данных (БД) - функции и классификация.	2	4	0	20
2.3	Тема 3. Вторичные базы данных.	2	4	0	20
	Итого	10	18	0	79,8

4.2. Содержание дисциплины, структурированное по разделам (темам)

Курс лекционных занятий

№	Наименование раздела / темы дисциплины	Содержание
1	Раздел 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	
1.1	Тема 1. Цели и задачи биоинформатики.	Геномика и протеомика. Предпосылки возникновения и развития биоинформатики. Развитие методов расшифровки последовательностей биополимеров –

		исторический аспект.
1.2	Тема 2. Биоинформатика как информационные технологии в приложении к управлению биологическими данными и их анализу.	Работы Ф. Сэнгера и Эдмана. Реакции обрыва цепи и химического расщепления. Полимеразная цепная реакция. Технологии автоматизированной регистрации результатов секвенирования.
2	Раздел 2. Базы данных в биоинформатике	
2.1	Тема 1. Первичные базы данных	База данных (БД) - функции и классификация.
2.2	Тема 2. База данных (БД) - функции и классификация.	Реляционные и объектно-ориентированные базы данных. Первичные, вторичные и смешанные базы данных.
2.3	Тема 3. Вторичные базы данных.	Избыточные и безизбыточные базы данных. Раритетные базы данных. Записи базы данных. Система управления базами данных (СУБД).

Курс практических/семинарских занятий

№	Наименование раздела / темы дисциплины	Содержание
1	Раздел 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики	
1.1	Тема 1. Цели и задачи биоинформатики.	Вопросы для обсуждения: 1. Предмет биоинформатики. 2. Прикладное значение биоинформатики: анализ гомологичности последовательностей; анализ экспрессии генов; разработка лекарственных препаратов; функции предсказания.
1.2	Тема 2. Биоинформатика как информационные технологии в приложении к управлению биологическими данными и их анализу.	Геномика и протеомика. Предпосылки возникновения и развития биоинформатики. Развитие методов расшифровки последовательностей биополимеров – исторический аспект.
2	Раздел 2. Базы данных в биоинформатике	
2.1	Тема 1. Первичные базы данных	Вопросы для обсуждения: Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот. EMBL (European Molecular Biology Laboratory). DDBJ (DNA DataBank of Japan). GenBank. GSDB (Genome Sequence DataBase). Ensemble. Специализированные БД: SGD (Saccharomyces Genome Database), TDB (TIGR DataBase), EST. Базы данных белковых последовательностей. PIR (International Protein Sequence Database). SWISS-PROT. TrEMBL (TRanslated from EMBL). Protein Research Foundation.
2.2	Тема 2. База данных (БД) - функции и классификация.	Вопросы для обсуждения: Базы данных структур. PDB (Protein data base). MSD (Macromolecular Structure Database). SCOP (Structure classification of Protein). CATH (Class / Architecture / Topology / Homology). NDB (Nucleic Acid Database), CSD (Cambridge Structural Database). BMRB (BioMagResBank). FSSP (Fold classification based on Structure-Structure alignment of Proteins).
2.3	Тема 3. Вторичные базы	Вопросы для обсуждения:

	данных.	PROSITE. PRINTS. BLOCKS. IDENTIFY. KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). Библиографические базы данных. PubMed. AGRICOLA (Agricultural Online Access). Виртуальная библиотека. Специализированные средства анализа БД. Пакет GCG (Genetics Computer Group). EGCG. Staden. Lasergene. Sequencher. Vector, NTI. MacVector. SYNERGY. Pangea System. EMBOSS. Alfresco. DALI (Distance matrix Alignment). Современные тенденции в структурировании БД. База данных Uniprot-Swiss-Prot.
--	---------	---

5. Учебно-методическое обеспечение для самостоятельной работы обучающихся по дисциплине (модулю)

Текущая самостоятельная работа магистров направлена на углубление и закрепление знаний, развитие практических умений и заключается в следующем:

- работа с лекционным материалом, поиск и обзор литературы и электронных источников информации;
- опережающая самостоятельная работа;
- подготовка к практическим работам;
- подготовка к текущему контролю и зачёту.

Творческая проблемно-ориентированная самостоятельная работа направлена на развитие интеллектуальных умений, комплекса универсальных (общекультурных) и профессиональных компетенций, повышение творческого потенциала магистров, заключается в выполнении реферата.

Контроль самостоятельной работы:

Оценка результатов самостоятельной работы организуется как текущий контроль успеваемости, работа на лекциях, семинарских (практических занятиях), итоговая аттестация (зачет).

Учебно-методическое обеспечение самостоятельной работы студентов:

Основными образовательными ресурсами для самостоятельной работы магистрантов являются лекции, учебные и методические пособия, книги. Презентации докладов рефератов по темам для устного опроса выполняются в компьютерном формате Microsoft Office PowerPoint, докладываются и обсуждаются на семинарских (практических) занятиях.

В ходе самостоятельной работы магистранты прорабатывают следующие вопросы:

Раздел 1. Введение. История, предмет и значение биоинформатики

Биоинформатика как информационные технологии в приложении к управлению биологическими данными и их анализу. Геномика и протеомика. Предпосылки возникновения и развития биоинформатики. Развитие методов расшифровки последовательностей биополимеров – исторический аспект. Работы Ф. Сэнгера и Эдмана. Реакции обрыва цепи и химического расщепления. Полимеразная цепная реакция. Технологии автоматизированной регистрации результатов секвенирования. Закон Мура и эффективность секвенирования. Ярлыки экспрессируемых последовательностей (Expressed Sequence Tags – EST). Динамика накопления информации в базах данных последовательностей. Проект «Геном человека». Цели и задачи биоинформатики. Предмет биоинформатики. Прикладное значение биоинформатики: анализ

гомологичности последовательностей; анализ экспрессии генов; разработка лекарственных препаратов; функции предсказания.

Основные инструменты биоинформатики. Компьютер и компьютерная программа. Программное обеспечение. Языки программирования - HyperText Markup Language, Java Script, Java, PERL (Practical Extraction and Reporting Language), BSML (Bioinformatic Sequence Markup Language), BIOML (Biopolymer Markup Language). Операционные системы - BIOS (Basic Input-Output System), DOS (Disk Operating System), Windows, Unix. Интернет. Сетевые протоколы - UUCP (Unix to Unix Copy Protocol), POP (Post Office Protocol), FTP (File Transfer Protocol), TELNET (TELEcommunication NETwork), Transmission Control Protocol / Internet Protocol (TCP/IP), HTTP (Hyper Text Transfer Protocol). История современного Интернета. ARPAnet. BITnet.. IP-адреса и доменные номера. Виды подключения к Интернет - модем, ISDN (Integrated Services Digital Network), ADSL (Asymmetric Digital Subscriber Line), оптоволоконная и спутниковая связь. Всемирная паутина (World Wide Web) как информационная система, построенная на принципе гиперсреды. Веб-страницы и веб-узлы. Объектная сеть. Object Request Broker (ORB). Common Object Request Broker Architecture (CORBA). Interface Definition Language (IDL). Программы-обозреватели (браузеры): Lynx, Mosaic, Netscape Navigator, Internet Explorer, Opera, Mozilla. Гиперссылки. URL — Uniform Resource Locator. HyperText Markup Language (HTML). Extensible Markup Language (XML). Database Management System (DBMS). EMBnet — European Molecular Biology net. Центры и узлы. Система выборки последовательностей (SRS — Sequence Retrieval System) как сетевой обозреватель баз данных EMBnet. Национальный центр биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information, NCBI) и сервисная программа Entrez. Выборка и применение информации. Номер GI (GenInfo Identifiers). Зеркала и Интранет. Секвенирование и анализ ДНК и белков Цели анализа последовательностей. Геномика – структурная, функциональная и сравнительная. Протеом и протеомика. Значение геномики и протеомики для анализа последовательностей и структур. Методы картографирования генома: генетические карты, физические карты хромосом и секвенсовыи карты. Основные технические подходы к секвенированию ДНК. Ферменты рестрикции, создание и клонирование гибридных молекул ДНК, амплификацией генов *in vivo* и *in vitro*, кДНК-синтез. Секвенирование с обрывом цепи (метод Сенгера). Секвенирование последовательности клона. Ярлыки экспрессируемых последовательностей (EST) – назначение и принцип. Методы секвенирования белков – прямой и косвенный метод. Определение пространственной структуры белка. Практические методы - рентгеноструктурный анализ и ЯМР-спектроскопия. Теоретические методы - эмпирические статистические методы; методы, опирающиеся на физико-химические критерии; алгоритмы, основанные на гомологии структур. Анализ экспрессии генов. Нозерн- и Вестерн-блоттинг. Серийный анализ экспрессии генов (SAGE - Serial Analysis of Gene Expression). ДНК – чипы. Анализ 7 экспрессии белков. Двумерный электрофорез в полиакриламидном геле.

Раздел 2. Базы данных в биоинформатике

База данных (БД) - функции и классификация. Реляционные и объектно-ориентированные базы данных. Первичные, вторичные и смешанные базы данных. Избыточные и безизбыточные базы данных. Раритетные базы данных. Записи базы данных. Система управления базами данных (СУБД). Компоненты и функции СУБД. Типы СУБД – иерархические и реляционные. Язык структурированных запросов (Structured Query Language - SQL). Обзор основных БД. Первичные базы данных. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот. EMBL (European Molecular Biology Laboratory). DDBJ (DNA DataBank of Japan). GenBank. GSDB (Genome Sequence DataBase). Ensemble. Специализированные БД: SGD (Saccharomyces Genome Database), TDB (TIGR DataBase),

EST. Базы данных белковых последовательностей. PIR (International Protein Sequence Database). SWISS-PROT. TrEMBL (TRanslated from EMBL). Protein Research Foundation. Базы данных структур. PDB (Protein data base). MSD (Macromolecular Structure Database). SCOP (Structure classification of Protein). CATH (Class / Architecture / Topology / Homology). NDB (Nucleic Acid Database), CSD (Cambridge Structural Database). BMRB (BioMagResBank). FSSP (Fold classification based on Structure-Structure alignment of Proteins). Вторичные базы данных. PROSITE. PRINTS. BLOCKS. IDENTIFY. KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). Библиографические базы данных. PubMed. AGRICOLA (Agricultural Online Access). Виртуальная библиотека. Специализированные средства анализа БД. Пакет GCG (Genetics Computer Group). EGCG. Staden. Lasergene. Sequencher. Vector, NTI. MacVector. SYNERGY. Pangea System. EMBOSS. Alfresco. DALI (Distance matrix Alignment). Современные тенденции в структурировании БД. База данных Uniprot-Swiss-Prot.

Выравнивание последовательностей Основные понятия и определения. Выравнивание, его цели. Последовательность запроса и предметная последовательность. Счет подобию (выравнивания). Близость последовательностей. Типы выравнивания - глобальное и локальное. Отличительные особенности и область применения. Оптимальное и субоптимальное выравнивание. Общие принципы выравнивания. Критерии определения меры сходства. Понятие расстояния в информатике. Хеммингово расстояние и расстояние Левенштейна (редактирующее расстояние). Счет выравнивания и факторы, влияющие на него. Матрица процентов точечных мутаций (ПТМ). Процент точечных мутаций как единица эволюционного расхождения. Матрицы блочных замен аминокислот. Методы попарного выравнивания последовательностей. Точечная матрица – принцип метода, область применения. Динамическое программирование. Алгоритмы Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермена. Матрица переходов. Метод k-кортежей. Алгоритмы программ FASTA (Fast Alignment) и BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Множественное выравнивание последовательностей. Цели и задачи множественного выравнивания. Основные этапы множественного выравнивания. Методы множественного выравнивания – Profile, Blocs, Indicator, PSI-BLAST (Position Specific Iterated-BLAST), Скрытые марковские модели. Программы автоматического выравнивания – CLUSTAL, CINEMA (Color Interactive Editor for Multiple Alignments), Muscle, T-COFFEE. Алгоритмы распознавания доменов в белковых структурах. PPUU (Parser for protein Unfolding Units). ДОМАК. Detective. Strudl (STRUctural Domain Limits). Алгоритмы сравнения структур. Метод двойного динамического программирования и программа DALI.

Предсказание генов структур и функций Аннотирование. Структурная и функциональная аннотация. Цели и задачи аннотирования. Предсказание генов. Стратегии отыскания генов – семантические, позиционные и сравнительные. Программы предсказания генов - GRAIL (Gene Recognition and Analysis Internet Link), GENSCAN, PROCRUSTES и др. Предсказание вторичной структуры РНК. Предсказание структуры белка. Стратегии предсказания. Предсказание вторичной структуры, основанное на склонности аминокислот к формированию определенной вторичной структуры. Метод Чоу-Фасмена. Метод GOR. Методы, основаны на принципе обучающейся машины. Нейронные сети. Поиск ближайшего соседа. Предсказание трехмерной структуры. Сравнительное моделирование (моделирование гомологии). Последовательность шагов алгоритма. Метод протягивания. Энергетический подход. Сравнительные достоинства и недостатки методов. Программы, позволяющие предсказывать структуру белка: AACompIdent, AACompSim, SAPS (Statistical Analysis of Protein Sequences), NN-PREDICT, LINUS (Local Independently Nucleated Units of Structures). Предсказание функций белков.

Гомология, филогения и эволюционные деревья. Гомология и подобие. Ортологи, Паралоги и Ксенологи. Изучение ортологичных и паралогичных белков. Модульные белки. Филогения и родство. Эволюционное дерево. Основные подходы к филогенетическому анализу: фенетический, кладистический и эволюционный. Клада,

таксон и узел. Критерии филогенетического анализа: морфологические характеристики, биохимические свойства и последовательности нуклеиновых кислот и белков. Этапы филогенетического анализа. Самосовершенствование как оценочный метод переборки дерева. Теория графов, ее значение для изучения филогенетических отношений. Граф, узлы, дуги, путь. Ориентированные и взвешенные графы. Корневые и некорневые деревья. Характерные свойства филогенетических деревьев. Методы построения деревьев. Методы расстояний. Групповой метод невзвешенных пар с вычислением среднего арифметического. Алгоритм объединения соседей. Метод Фитча-Маргобиаша. Метод минимальной эволюции. Методы подобия. Метод максимальной экономичности. Метод максимального правдоподобия. Эволюционные модели. Таблицы подобия и таблицы расстояний. Выравнивание по последовательности и структуре – сложность и точность вычислений. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа. Митохондриальная и рибосомная ДНК. Эволюционная значимость и область применения в филогении. Базы данных филогенетического анализа. Универсальные средства: PAUP (Phylogenetic Analysis Using Parsimony) и PHYLIP (Phylogenetic Inference Package). PALI (Phylogeny and ALignment of homologous protein structures).

Рекомендуемая для чтения литература

1. Дьяконов, В.П. MATLAB 6.5 SP1/7/7 SP1/7 SP2 + Simulink 5/6. Инструменты искусственного интеллекта и биоинформатики / В.П. Дьяконов, В.В. Круглов. - Москва : СОЛОН-ПРЕСС, 2009. - 454 с. - (Библиотека профессионала). - ISBN 5-98003-255-X ; То же [Электронный ресурс]. – Режим доступа: URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=117721> (дата посещения 20.06.2021)
2. Грошев, А.С. Информатика : учебник для вузов / А.С. Грошев. - Москва ; Берлин : Директ-Медиа, 2015. - 484 с. : ил. - Библиогр.: с. 466 - ISBN 978-5-4475-5064-6 ; То же [Электронный ресурс]. – Режим доступа: URL:<http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=428591> (дата посещения 20.06.2021)
3. Чаус Б.Ю., Шарафутдинов В.М. Статистическая обработка биоэкологических данных. Учебно-методические материалы для студентов вузов. - Стерлитамак: Стерлитамак. гос. пед. акад. им. Зайнаб Биишевой, 2012. 80 с. 15 экз.

6. Учебно-методическое и информационное обеспечение дисциплины (модуля)

6.1. Перечень учебной литературы, необходимой для освоения дисциплины (модуля)

Основная учебная литература:

1. Дьяконов, В.П. MATLAB 6.5 SP1/7/7 SP1/7 SP2 + Simulink 5/6. Инструменты искусственного интеллекта и биоинформатики / В.П. Дьяконов, В.В. Круглов. - Москва : СОЛОН-ПРЕСС, 2009. - 454 с. - (Библиотека профессионала). - ISBN 5-98003-255-X ; То же [Электронный ресурс]. – Режим доступа: URL: <http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=117721> (дата обращения 25.05.2023)
2. Грошев, А.С. Информатика : учебник для вузов / А.С. Грошев. - Москва ; Берлин : Директ-Медиа, 2015. - 484 с. : ил. - Библиогр.: с. 466 - ISBN 978-5-4475-5064-6 ; То же [Электронный ресурс]. – Режим доступа: URL:<http://biblioclub.ru/index.php?page=book&id=428591> (дата обращения 25.05.2023)

Дополнительная учебная литература:

1. Чаус Б.Ю., Шарафутдинов В.М. Статистическая обработка биоэкологических данных. Учебно-методические материалы для студентов вузов. - Стерлитамак: Стерлитамак. гос. пед. акад. им. Зайнаб Биишевой, 2012. 80 с. (15 экз.)

6.2. Перечень электронных библиотечных систем, современных профессиональных баз данных и информационных справочных систем

№ п/п	Наименование документа с указанием реквизитов
1	Договор на доступ к ЭБС ZNANIUM.COM между БашГУ в лице директора СФ БашГУ и ООО «Знаниум» № 3/22-эбс от 05.07.2022
2	Договор на доступ к ЭБС «ЭБС ЮРАЙТ» (полная коллекция) между БашГУ в лице директора СФ БашГУ и ООО «Электронное издательство ЮРАЙТ» № 1/22-эбс от 04.03.2022
3	Договор на доступ к ЭБС «Университетская библиотека онлайн» между БашГУ и «Нексмедиа» № 223-950 от 05.09.2022
4	Договор на доступ к ЭБС «Лань» между БашГУ и издательством «Лань» № 223-948 от 05.09.2022
5	Договор на доступ к ЭБС «Лань» между БашГУ и издательством «Лань» № 223-949 от 05.09.2022
6	Соглашение о сотрудничестве между БашГУ и издательством «Лань» № 5 от 05.09.2022
7	ЭБС «ЭБ БашГУ», бессрочный договор между БашГУ и ООО «Открытые библиотечные системы» № 095 от 01.09.2014 г.
8	Договор на БД диссертаций между БашГУ и РГБ № 223-796 от 27.07.2022
9	Договор о подключении к НЭБ и о предоставлении доступа к объектам НЭБ между БашГУ в лице директора СФ БашГУ с ФГБУ «РГБ» № 101/НЭБ/1438-П от 11.06.2019
10	Договор на доступ к ЭБС «ЭБС ЮРАЙТ» (полная коллекция) между УУНиТ в лице директора СФ УУНиТ и ООО «Электронное издательство ЮРАЙТ» № 1/23-эбс от 03.03.2023

Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» (далее - сеть «Интернет»)

№ п/п	Адрес (URL)	Описание страницы
1	http://dmb.biophys.msu.ru	Информационная система «Динамические модели в биологии», рассчитанная на широкий круг пользователей, включает в себя гипертекстовые документы и реляционные базы данных и обеспечивает унифицированный доступ к разнообразной информации по данной предметной области.

6.3. Перечень лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения, в том числе отечественного производства

Наименование программного обеспечения
Office Standard 2007 Russian OpenLicensePack NoLevel Acdmc
Microsoft Windows 7 Standard

7. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по дисциплине (модулю)

Тип учебной аудитории	Оснащенность учебной аудитории
<p>Помещение для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования</p>	<p>Демонстрационное оборудование</p>
<p>читальный зал: помещение для самостоятельной работы</p>	<p>учебная мебель, учебно-наглядные пособия, компьютеры</p>
<p>Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, учебная аудитория для проведения занятий семинарского типа, учебная аудитория текущего контроля и промежуточной аттестации, учебная аудитория групповых и индивидуальных консультаций</p>	<p>Доска, учебная мебель, компьютеры, переносной экран, переносной проектор, учебно-наглядные пособия.</p>
<p>Учебная аудитория для проведения занятий лекционного типа, учебная аудитория для проведения занятий семинарского типа, учебная аудитория текущего контроля и промежуточной аттестации, учебная аудитория групповых и индивидуальных консультаций</p>	<p>Доска, учебная мебель, компьютеры, переносной экран, переносной проектор, учебно-наглядные пособия.</p>