

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Павлов Валентин Николаевич

Должность: Ректор

Дата подписания: 01.06.2026 12:51:07

Уникальный программный код:  
a562210a8a161d1bc9a34c4a0a3e820ac76b9d73665849e6d6db2a5af871d6e

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ  
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«БАШКИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
(ФГБОУ ВО БГМУ МИНЗДРАВА РОССИИ)

*Кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии*



**УТВЕРЖДАЮ**

Проректор по учебной работе

/ В.Е. Изосимова

« 01 »

июня

20 26 г.

**РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ**  
**ГЕНОМИКА И ПРОТЕОМИКА**

Уровень образования

Высшее – *Специалитет*

Специальность

*06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика*

Квалификация

*Биоинженер и биоинформатик*

Форма обучения

*Очная*

Год начала подготовки: *2026*

При разработке рабочей программы учебной дисциплины в основу положены:

1) ФГОС ВО по специальности 06.05.01 Биотехнология и биоинформатика, утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от «12 августа» 2020 № 973.

2) Профессиональный стандарт «Специалист в области клинической лабораторной диагностики», утвержденный приказом Министерства труда и социальной защиты Российской Федерации от «14» марта 2018 г. №145н;

3) Учебный план по специальности 06.05.01 Биотехнология и биоинформатика, утвержденный Ученым советом ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России «25» ноября 2025 г., протокол №10.

Рабочая программа учебной дисциплины (модуля) одобрена на заседании кафедры фундаментальной и прикладной микробиологии от «30» октября 2025 г., протокол № 3.

Заведующий кафедрой \_\_\_\_\_ / Гимранова И.А.

Рабочая программа учебной дисциплины одобрена УМС Центра инновационных образовательных программ от «19» ноября 2025, протокол №3.

**Председатель УМС**  
Центра инновационных образовательных программ

 / Титова Т.Н.

**Разработчики:**

Гимранова Ирина Анатольевна, к.м.н., доцент, заведующий кафедрой фундаментальной и прикладной микробиологии

Хасанова Азалия Ильнуровна, ассистент кафедры фундаментальной и прикладной микробиологии

## СОДЕРЖАНИЕ РАБОЧЕЙ ПРОГРАММЫ:

1.	Пояснительная записка	4
1.1.	Цель и место дисциплины в структуре образовательной программы	4
1.2.	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций	4
2.	Требования к результатам освоения учебной дисциплины	6
2.1.	Типы задач профессиональной деятельности	6
2.2.	Перечень компетенций и индикаторов достижения компетенций с указанием соотнесенных с ними запланированных результатов обучения по дисциплине	6
3.	Содержание рабочей программы	8
3.1.	Объем учебной дисциплины (модуля) и виды учебной работы	8
3.2.	Перечень разделов учебной дисциплины и компетенций с указанием соотнесенных с ними тем разделов дисциплины	9
3.3.	Разделы учебной дисциплины, виды учебной деятельности и формы контроля	13
3.4.	Название тем лекций и количество часов по семестрам учебной дисциплины (модуля)	14
3.5.	Название тем практических занятий, в том числе практической подготовки и количество часов по семестрам учебной дисциплины (модуля)	15
3.6.	Лабораторный практикум	16
3.7.	Самостоятельная работа обучающегося	16
4.	Фонд оценочных материалов для контроля успеваемости и результатов освоения учебной дисциплины (модуля)	
4.1.	Перечень компетенций и индикаторов достижения компетенций с указанием соотнесенных с ними запланированных результатов обучения по дисциплине. Описание критериев и шкал оценивания результатов обучения по дисциплине.	17
4.2.	Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценивания результатов обучения по учебной дисциплине (модуля), соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций	21
5.	Учебно-методическое и информационное обеспечение учебной дисциплины (модуля)	23
5.1.	Перечень основной и дополнительной литературы, необходимой для освоения учебной дисциплины (модуля)	23
5.2.	Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения учебной дисциплины (модуля)	24
6.	Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)	24
6.1.	Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)	25
6.2.	Современные профессиональные базы данных, информационные справочные системы	25
6.3.	Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства	27

## 1. Пояснительная записка

### 1.1. Цель и место дисциплины в структуре образовательной программы

Дисциплина «Геномика и протеомика» относится к обязательной части.

Дисциплина изучается на 3 курсе в 5 семестре.

Целью освоения учебной дисциплины (модуля) «Геномика и протеомика» является ознакомление обучающихся с основами геномики, как современной комплексной фундаментальной дисциплины об организации, структуре и функционировании геномов; путей формирования и эволюции протеомов, формирование общего молекулярного мировоззрения на основе знания о механизмах построения геномов разного уровня сложности.

### 1.2. Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине, соотнесенных с установ

Код и наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения по учебной дисциплине (модулю)
ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; применения физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
	ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.	Уметь применять знания в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
	ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических

	методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.	методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.	Знать методики поиска научно-технической информации, литературного и патентного поиска по темам исследования.
	ПК-1.2. Применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Уметь применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.
	ПК-1.3. Использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	Владеть знаниями и навыками для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.
	ПК-1.5. Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики при выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.

## 2. Требования к результатам освоения учебной дисциплины

### 2.1. Типы задач профессиональной деятельности

Задачи профессиональной деятельности, которые лежат в основе преподавания учебной дисциплины: научно-исследовательская, педагогическая.

### 2.2. Перечень компетенций, индикаторов достижения компетенций и индекса трудовой функции

п/№	Номер/ индекс компетенции (или его части) и ее содержание	Номер индикатора компетенции (или его части) и его содержание	Индекс трудовой функции и ее содержание	Перечень практических навыков по овладению компетенцией	Оценочные средства
1	2	3	4	5	6
1.	ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований. ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований. ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментально	-	в практической профессиональной деятельности сохранение биоразнообразия видов; устойчивости биосферы; владение методами наблюдения, описания, определения, культивирования биологических объектов	контрольная работа, собеседование, ситуационные задачи, письменное тестирование

		й работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.			
2.	ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	<p>ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.</p> <p>ПК-1.2. Применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.</p> <p>ПК-1.3. Использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.</p> <p>ПК-1.5.</p>	А/02.7 Освоение и внедрение новых методов клинических лабораторных исследований и медицинских изделий для диагностики <i>in vitro</i>	способность самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий	контрольная работа, собеседование

		Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.			
--	--	------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	--	--	--

### 3. Содержание рабочей программы

#### 3.1 Объем учебной дисциплины (модуля) и виды учебной работы

Вид учебной работы		Всего часов/ зачетных единиц	Семестры	
			5 часов	6 часов
1		2	3	4
<b>Контактная работа (всего), в том числе:</b>		<b>48/1,33</b>	<b>48</b>	<b>-</b>
Лекции (Л)		12/0,33	12	-
Практические занятия	Практические занятия (ПЗ)	36/1	36	-
	Практическая подготовка*	12/0,33	12	-
Семинары (С)		-	-	-
Лабораторные работы (ЛР)		-	-	-
<b>Самостоятельная работа обучающегося, в том числе:</b>		<b>24/0,67</b>	<b>24</b>	<b>-</b>
Подготовка к занятиям (ПЗ)		14/0,39	14	-
Подготовка к текущему контролю (ПТК)		5/0,15	5	-
Подготовка к промежуточному контролю (ППК)		5/0,15	5	-
<b>Вид промежуточной аттестации</b>	зачет (З)	-	-	-
	экзамен (Э)	36/1	36	-
<b>ИТОГО: Общая трудоемкость</b>	час.	108	108	-
	ЗЕТ	3	3	-

\* - в том числе практическая подготовка

#### 3.2. Перечень разделов учебной дисциплины и компетенций с указанием соотношенных с ними тем разделов дисциплины

№п/п	Индекс	Наименование	Содержание раздела (темы разделов)
------	--------	--------------	------------------------------------

	компетенци и	раздела учебной дисциплины	
1	2	3	4
1.	ОПК-3 ПК-1	Источники данных	Секвенаторы второго поколения: характерные длины прочитанных участков (reads), парноконцевые чтения, характерные длины фрагментов. Пиросеквенирование. Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.). Базы данных нуклеотидных последовательностей (Nucleotide databases) GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene. «Выравнивание» нуклеотидных последовательностей.
2.	ОПК-3 ПК-1	Протеомные данные	Масс-спектрометрия. Связь с геномами. "Трансляция" нуклеотидной последовательности в аминокислотную. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов". Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы. Базы данных аминокислотных последовательностей (Protein databases) Swiss-Prot, NCBI Protein Database.
3.	ОПК-3 ПК-1	Белок-белковые взаимодействия	Дрожжевые двугибридные системы. Методы фагового дисплея, двугибридных систем и другие аффинные методы, применяемые для изучения белок-белковых взаимодействий. Белковые чипы. Предсказание потенциальных сайтов пост-трансляционных модификаций белков и белок-белковых взаимодействий.
4.	ОПК-3 ПК-1	Белок-ДНКовые взаимодействия	Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq. ChIP-Chip как техника, объединяющая иммунопреципитацию хроматина (chromatin immunoprecipitation - ChIP) с технологией ДНК-чипов (microarray technology, DNA-chips). Применение техники для исследования ДНК-белковых взаимодействий in vivo. ChIP-Seq как техника, объединяющая иммунопреципитацию хроматина (ChIP) с масштабным параллельным секвенированием ДНК. Применение для идентификации сайтов связывания белков.
5.	ОПК-3 ПК-1	Сборка геномов	Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скэффолды по

			библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.
6.	ОПК-3 ПК-1	Сравнительная геномика	Функциональная аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции. Характеризация геномов по молекулярной массе, количеству генов и нуклеотидной последовательности. Выявление сходства и различия в организации геномов. Получение сведений об уникальных и гомологичных генах, о степени гомологии.
7.	ОПК-3 ПК-1	Инструменты сравнительной геномики	Основные инструменты: а) COGs и KOGs; Homologene и другие базы данных гомологов, б) String, с) SEED. Филогенетическая классификация белков (Clusters of Orthologous Groups of proteins, COGs) как результат сравнения белковых последовательностей по полным геномам представителей важнейших филогенетических групп организмов. Программа HomoloGene как инструмент базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI) для автоматической детекции гомологов. Алгоритм SEED.
8.	ОПК-3 ПК-1	Эволюция геномов	Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дупликации, с) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция. Пути эволюции геномов, происхождение генетического полиморфизма и биоразнообразия, роль горизонтального переноса генов. Эволюционный подход к изучению формирования комплексов генов, отдельных хромосом, стабильности частей генома, процесса расообразования у человека, эволюцией наследственной патологии.
9.	ОПК-3 ПК-1	SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом индивида. Спейсеры генов рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа: прямая зависимость между степенью полиморфизма и филогенетическим расстоянием между организмами. Использование SNP в молекулярной диагностике болезней человека.
10.	ОПК-3 ПК-1	Метагеномика	Секвенирование 16S РНК и других маркеров. Тотальное секвенирование и функциональные интерпретации. Метагеном – генетический материал, получаемый напрямую из образцов среды: с учетом некультивируемых

			микроорганизмов, наряду с культивируемыми. Метагеномика как «геномика окружающей среды» или «эко геномика».
11.	ОПК-3 ПК-1	Негеномные (постгеномные) данные	Вэб-ориентированный автоматизированный мета-анализ данных о сотнях транскриптов (или белков) в ходе одного эксперимента. Прогнозирование и аннотирование взаимодействующих белков на основе масштабного анализа результатов масс-спектрометрических экспериментов, анализа геномных данных и автоматического анализа опубликованных данных.
12.	ОПК-3 ПК-1	Транскриптомика	Картирование секвенированных фрагментов на геном. Фильтрация. Оценка уровней экспрессии генов и уровней включения экзонов. Основные методы транскриптомики: ДНК-микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени), РНК-интерференция, методы SAGE, ESI, дифференциального дисплея, RNAPol-CHIP. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.
13.	ОПК-3 ПК-1	Протеомика	Аннотация протеомов по масс-спектрометрическим данным. Геном – чертеж, протеом – работающие молекулярные машины. Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и тандемная масс-спектрометрия). Применение масс-спектрометрии для анализа пост-трансляционных модификаций белков и для характеристики белковых комплексов. Трансляция «in silico». Протеолиз «in silico». Построение карт взаимодействия между белками в клетке.
14.	ОПК-3 ПК-1	Пост-трансляционные модификации белков	Ограниченный протеолиз, белковый сплайсинг, образование дисульфидных связей. Присоединение или отщепление небольших химических групп: гликозилирование, ацетилирование, метилирование, карбоксилирование, фосфорилирование. Присоединение других белков и пептидов: убиквитинилирование, сумоилирование.
15.	ОПК-3 ПК-1	Протеом человека (программа)	«Протеом человека» – продолжение программы «Геном человека». Human Proteome Organization

			(HUPO). Официальный старт программы в 2010 г., у России – 18 хромосома. Протеом и пептидом. Цели программы: выявление специфических для конкретных заболеваний изменений в протеоме, установление диагностически значимой диспропорции белков в пораженном органе, обнаружение целевых протеинов (мишеней) и создание новых высокоэффективных медикаментозных и диагностических средств.
16.	ОПК-3 ПК-1	Системная биология	Сети и модели. Графовый подход. Свойства (природных) графов: а) диаметр, б) распределение степеней вершин, в) коэффициент кластеризации. Особенности: а) hubs, центральные вершины, б) графовые мотивы (graphlets). Исследование и моделирование свойств сложных биологических систем, которые нельзя объяснить суммой свойств ее составляющих. Применение теории динамических систем к биологическим системам.

### 3.3. Разделы учебной дисциплины, виды учебной деятельности и формы контроля

№п/п	№ семестра	Наименование раздела учебной дисциплины (модуля)	Виды учебной деятельности, включая самостоятельную работу обучающихся (в часах)					Формы текущего контроля успеваемости (по неделям семестра)
			Л	ЛР	ПЗ	СРО	всего	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.	5	Источники данных. Протеомные данные. Белок-белковые взаимодействия	2	-	6	4	12	письменное тестирование, устный опрос, контрольная работа, собеседование по ситуационным задачам
2.	5	Белок-ДНКовые взаимодействия. Сборка геномов. Сравнительная геномика	2	-	6	4	12	собеседование по ситуационным задачам, письменное тестирование
3.	5	Инструменты сравнительной геномики. Эволюция геномов. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	2	-	6	4	12	устный опрос, контрольная работа
4.	5	Метагеномика. Негеномные (постгеномные) данные. Транскриптомика	2	-	6	4	12	контрольная работа, письменное тестирование, устный опрос

5.	5	Протеомика. Пост-трансляционные модификации белков	2	-	6	4	12	собеседование по ситуационным задачам, письменное тестирование, контрольная работа
6.	5	Протеом человека (программа). Системная биология	2	-	6	4	12	собеседование по ситуационным задачам, письменное тестирование, контрольная работа
Экзамен							36	
		<b>ИТОГО:</b>	<b>12</b>	<b>-</b>	<b>36</b>	<b>24</b>	<b>108</b>	

**3.4. Название тем лекций и количество часов по семестрам изучения учебной дисциплины (модуля).**

№ п/п	Название тем лекций учебной дисциплины (модуля)	Семестр
		5
1	2	3
1	Источники данных. Протеомные данные. Белок-белковые взаимодействия	2
2	Белок-ДНКовые взаимодействия. Сборка геномов. Сравнительная геномика	2
3	Инструменты сравнительной геномики. Эволюция геномов. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	2
4	Метагеномика. Негеномные (постгеномные) данные. Транскриптомика	2
5	Протеомика. Пост-трансляционные модификации белков	2
6	Протеом человека (программа). Системная биология	2
	<b>Итого</b>	12

**3.5. Название тем практических занятий в том числе практической подготовки и количество часов по семестрам изучения учебной дисциплины (модуля).**

№ п/п	Название тем практических занятий учебной дисциплины (модуля)	Семестры
		5
1	2	3
1	Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.).	2
2	Масс-спектрометрия. Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы.	2
3	Методы фагового дисплея, двугибридных систем и другие аффинные методы, применяемые для изучения белок-белковых взаимодействий. Белковые чипы.	2
4	Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq. Применение техники для исследования ДНК-белковых взаимодействий <i>in vivo</i> . Применение для идентификации сайтов связывания белков.	2
5	Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скаффолды по библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.	2
6	Функциональная аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции. Выявление сходства и различия в организации геномов.	2
7	Основные инструменты: а) COGs и KOGs; Homologene и другие базы данных гомологов, б) String, с) SEED. Филогенетическая классификация белков (Clusters of Orthologous Groups of proteins, COGs) как результат сравнения белковых последовательностей по полным геномам представителей важнейших филогенетических групп организмов. Программа HomoloGene как инструмент базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI) для автоматической детекции гомологов. Алгоритм SEED.	2
8	Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные дубликации, с) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция.	2
9	Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом индивида. Спейсеры генов	2

	рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа.	
10	Секвенирование 16S РНК и других маркеров. Тотальное секвенирование и функциональные интерпретации.	2
11	Вэб-ориентированный автоматизированный мета-анализ данных о сотнях транскриптов (или белков) в ходе одного эксперимента.	2
12	Картирование секвенированных фрагментов на геном. Фильтрация. Оценка уровней экспрессии генов и уровней включения экзонов. Основные методы транскриптомики: ДНК-микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени), РНК-интерференция, методы SAGE, ESI, дифференциального дисплея, RNAPol-ChIP. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.	2
13	Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и тандемная масс-спектрометрия).	3
14	Ограниченный протеолиз, белковый сплайсинг, образование дисульфидных связей. Присоединение или отщепление небольших химических групп: гликозилирование, ацетилирование, метилирование, карбоксилирование, фосфорилирование. Присоединение других белков и пептидов: убиквитинилирование, сумоилирование.	3
15	«Протеом человека» – продолжение программы «Геном человека».	2
16	Сети и модели. Графовый подход. Свойства (природных) графов: а) диаметр, б) распределение степеней вершин, в) коэффициент кластеризации.	2
17	Исследование и моделирование свойств сложных биологических систем, которые нельзя объяснить суммой свойств ее составляющих.	2
	<b>Итого</b>	<b>36</b>

### 3.6. Лабораторный практикум

Не предусмотрено учебным планом.

### 3.7. Самостоятельная работа обучающегося

#### 3.7.2. Виды СРО (ВНЕАУДИТОРНАЯ РАБОТА)

№ п/п	№ семестра	Тема СРО	Виды СРО	Всего часов
1	2	3	4	5
1.	5	Источники данных. Протеомные данные. Белок-белковые взаимодействия	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4

2.	5	Белок-ДНКовые взаимодействия. Сборка геномов. Сравнительная геномика	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
3.	5	Инструменты сравнительной геномики. Эволюция геномов. SNP (точечные нуклеотидные полиморфизмы)	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
4.	5	Метагеномика. Негеномные (постгеномные) данные. Транскриптомика	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
5.	5	Протеомика. Пост-трансляционные модификации белков	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
6.	5	Протеом человека (программа). Системная биология	подготовка к занятию, подготовка к текущему контролю	4
<b>ИТОГО часов в семестре:</b>				<b>24</b>

### 3.7.3. Примерная тематика контрольных вопросов

#### Семестр № 5.

1. Становление и развитие геномики.
2. Сравнительная и эволюционная геномика.
3. Организация генома прокариот. Минимальный бактериальный геном.
4. Организация генома эукариотического организма.
5. Проект «Геном человека». Геномика-медицине.
6. Синтетический геном. Проект «Жизнь, версия 2.0».
7. Методы установления первичной структуры ДНК.
8. Геномный этап в становлении протеомики.
9. Идентификация белков методом двумерного гель-электрофореза.
10. Масс-спектроскопические методы идентификации белков.
11. Протеомика в медицине и фармакологии.
12. Количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени).
13. Дрожжевые двугибридные системы.
14. Фаговый дисплей.
15. ДНК-микрочипы.
16. РНК-интерференция.

#### 4. Оценочные материалы для контроля успеваемости и результатов освоения учебной дисциплины (модуля)

##### 4.1. Перечень компетенций и индикаторов достижения компетенций с указанием соотношенных с ними запланированных результатов обучения по дисциплине. Описание критериев и шкал оценивания результатов обучения по дисциплине.

Код и формулировка компетенции:

ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований.

ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-

исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.

Код и наименование индикатора достижения компетенции	Результаты обучения по дисциплине	Критерии оценивания результатов обучения			
		2 («Не удовлетворительно»)	3 («Удовлетворительно»)	4 («Хорошо»)	5 («Отлично»)
ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований	Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; применения физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Не знает способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Имеет посредственные знания способов проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Имеет хорошие знания способов проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Показывает отличные знания способов проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.
	Уметь применять знания в области геномики и протеомики для	Не умеет осуществлять экспериментальную работу с организмами	Посредственно умеет осуществлять экспериментальную работу с организмами	Умеет осуществлять экспериментальную работу с организмами и клетками;	Отлично умеет осуществлять экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать

	<p>проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>ми и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>и клетками; использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>использовать физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>физико-химические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>
	<p>Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Не владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Слабо владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Хорошо владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>	<p>Свободно владеет способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>

ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий.	Знать методики поиска научно-технической информации, литературного и патентного поиска по темам исследования.	Не знает научно-техническую информацию и не выполняет литературный и патентный поиск по темам исследования.	Имеет посредственные знания в изучении научно-технической информации и выполнении литературного и патентного поиска по темам исследования.	Имеет хорошие знания в изучении научно-технической информации и выполнении литературного и патентного поиска по темам исследования.	Показывает отличные знания в изучении научно-технической информации и выполнении литературного и патентного поиска по темам исследования.
	Уметь применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Не умеет применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Посредственно умеет применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Умеет применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Отлично умеет применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.
	Владеть знаниями и навыками для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	Не умеет использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации.	Посредственно умеет использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	Умеет использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	Отлично умеет использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.

		ии по биологическим объектам.	им объектам.		
	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики при выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Не умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Посредственно умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Отлично умеет использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.

**4.2. Типовые контрольные задания или иные материалы, необходимые для оценивания результатов обучения по учебной дисциплине, соотнесенных с установленными в образовательной программе индикаторами достижения компетенций.**

<b>Код и наименование индикатора достижения компетенции</b>	<b>Результаты обучения по дисциплине</b>	<b>Оценочные средства Тесты (Т)</b>
ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физикохимических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; применения физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Какая из перечисленных технологий является основой генетической инженерии:  1) создание рекомбинантных ДНК 2) выделение ДНК из организмов 3) расщепление ДНК на фрагменты 4) выделение хромосом 5) получение плазмид

ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физикохимические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.	Уметь применять знания в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	В качестве вектора для введения чужого гена в животную клетку используют  1) плазмиды агробактерий 2) плазмиды бактерий 3) ДНК хлоропластов и митохондрий 4) вириды 5) вирус SV-40
ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики для проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физико-химических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.	Под термином «обратная генетика» понимают следующие манипуляции  1) ДНК - РНК - белок - модификация белка - клетка 2) белок - РНК - ДНК - модификация ДНК - клетка 3) РНК - модификация РНК - ДНК - белок 4) клетка - ДНК - РНК - белок - модификация белка
ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.	Знать методики поиска научно-технической информации, литературного и патентного поиска по темам исследования.	Для построения рестрикционной карты необходимо фрагменты ДНК последовательно обработать  1) 1 рестриктазой, затем 2 рестриктазой 2) 1 рестриктазой и смесью 1 и 2 рестриктаз 3) 1 рестриктазой, 2 рестриктазой и их смесью
ПК-1.2. Применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Уметь применять современные подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.	Метод, при котором молекулы разделяются на основе их подвижности в геле под действием электрического поля:  1) гель-электрофорез; 2) спектрофотометрия; 3) полимеразная цепная реакция; 4) флуориметрия
ПК-1.3. Использовать полученные знания и профессиональные навыки	Владеть знаниями и навыками для грамотного анализа большого массива	Аттенуаторы располагаются между

для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.	информации по биологическим объектам.	1) 1 и 2 структурным геном 2) в конце структурного гена 3) между промотором и 1-м структурным геном 4) между промотором и 2-м структурным геном
ПК-1.5. Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.	Владеть знаниями и навыками в области геномики и протеомики при выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, при проведении медико-диагностических исследований.	Полимеразная цепная реакция – это:  1) метод, позволяющий значительно увеличить количество копий (концентрацию) определенного фрагмента ДНК; 2) метод, непосредственно позволяющий расшифровать первичную структуру ДНК; 3) метод, позволяющий проводить экстракцию геномной ДНК из биологических образцов; 4) метод, при котором молекулы разделяются на основе их подвижности в геле под действием электрического поля

## 5. Учебно-методическое обеспечение учебной дисциплины (модуля)

### 5.1. Перечень основной и дополнительной литературы, необходимой для освоения учебной дисциплины (модуля)

#### Основная литература

П/№	Наименование	Автор (ы)	Год, место издания	Кол-во экземпляров	
				в библиотеке	на кафедре
1	2	3	4	5	6
1	Биохимия: учебное пособие	Димитриев А.Д.	М.: Издательско-торговая корпорация "Дашков и К-", 2012. - 168 с.	-	
2	Применение молекулярных методов исследования в генетике: учебное пособие.	Нефедова Л.Н.	М.: ИНФРА-М, 2016. 104 с.	-	
3	Генетика: учебное пособие	Ситников М. Н., Боготова З. И., Биттуева	Нальчик: КБГУ, 2019. - 119 с.	Неограниченный доступ	

		М. М.		
4	Общая и медицинская генетика. Задачи: учебное пособие	Азова М. М.	М.: ГЭОТАР-Медиа, 2019. - 160 с.	Неограниченный доступ
5	Геномика с молекулярно-генетическими основами	Попов В.В.	М.: ЛИБРОКОМ, 2009. – 298 с.	-

### Дополнительная литература

П/№	Наименование	Автор (ы)	Год, место издания	Кол-во экземпляров	
				в библиотеке	на кафедре
1	2	3	4	5	6
1	Общая и молекулярная генетика	Жимулев И.А.	Новосибирск: Сибирское университетское издание, 2003. - 478 с.	-	-
2	Хроматин: упакованный геном	Разин А. А., Быстрицкий С. В.	М.: Бином. Лаборатория знаний, 2009. – 170.	-	-
3	Молекулярная биология: учеб. для вузов. – 3-е изд., стер.	Коничев А.С.	М.: Академия, 2008. – 396	-	-

### 5.2. Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», необходимых для освоения учебной дисциплины (модуля)

1. [www.studmedlib.ru](http://www.studmedlib.ru) (Электронно-библиотечная система «Консультант студента» для ВПО)

2. <http://e.lanbook.com> (Электронно-библиотечная система «Лань»)

3. <http://library.bashgmu.ru> (База данных «Электронная учебная библиотека»)

### 6. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)

Использование учебных комнат и лабораторий для работы обучающихся. Специальная мебель: рабочее место для преподавателя (1 стол, 1 стул); рабочее место для обучающихся (письменные столы (парты), парты на 25 посадочных мест); письменная доска, компьютер, мультимедийный проектор, экран, стенды с учебно-методическими материалами, демонстрационный и справочный материал.

### 6.1. Материально-техническая база, необходимая для осуществления образовательного процесса по учебной дисциплине (модуля)

Таблица

№ п/п	Наименование вида образования, уровня образования, профессии, специальности, направления подготовки (для профессионального образования), подвида дополнительного образования	Наименование объекта, подтверждающего наличие материально-технического обеспечения, с перечнем основного оборудования	Адрес (местоположение) объекта, подтверждающего наличие материально-технического обеспечения, (с указанием номера такового объекта в соответствии с документами по технической инвентаризации)
1	2	3	4
1	Высшее, специалитет, 06.05.01 Биоинформатика и биоинженерия	<b>Учебный корпус № 7 ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России, кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии с: Учебная аудитория № 516</b> для проведения практических занятий, индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации. Оборудование: учебная мебель на 25 рабочих мест, рабочее место преподавателя (стол, стул), доска учебная меловая, Автоклав ВК-75 -2, Весы технически -1, Стерилизатор воздушный – 2, Термостат – 3, Холодильник 2, Электроплитка -1, Набор сухих питательных сред, Наборы красителей, реактивов, Инструменты и посуда для работы, Ламинарный бокс, Миницентрифуга-вортекс , Оборудование для ПЦР-анализа в «реальном времени» в комплекте, Отсасыватель медицинский, Термошейкер.	450008, Республика Башкортостан, г. Уфа, Кировский р-н, ул. Пушкина, д. 96, корп. 98. Этаж 5. Учебная аудитория № 516

## 6.2. Современные профессиональные базы данных, информационные справочные системы

### справочные системы

<http://www.studmedlib.ru/> - многопрофильный образовательный ресурс "Консультант студента" является электронно-библиотечной системой (ЭБС), предоставляющей доступ через сеть Интернет к учебной литературе и дополнительным материалам, в том числе аудио, видео, анимации, интерактивным материалам, тестовым заданиям и др.

<http://e.lanbook.com> - электронно-библиотечная система издательства «Лань» - ресурс, включающий в себя электронные версии книг издательства «Лань» и других ведущих издательств учебной литературы по естественным и гуманитарным наукам.

<https://www.books-up.ru/> - электронно-библиотечная система «Букап» - это новый формат библиотечной системы, в которой собраны книги медицинской тематики: электронные версии качественных первоисточников от ведущих издательств со всего мира.

<https://rusneb.ru/> - проект Российской государственной библиотеки. Начиная с 2004 г. Проект Национальная электронная библиотека (НЭБ) разрабатывается ведущими российскими библиотеками при поддержке Министерства культуры Российской Федерации. Основная цель НЭБ - обеспечить свободный доступ граждан Российской Федерации ко всем изданным, издаваемым и хранящимся в фондах российских библиотек изданиям и научным работам, - от книжных памятников истории и культуры до новейших авторских произведений.

<https://www.ras.ru/> - электронные версии коллекции журналов «Российской академии наук» (РАН)

<https://dlib.eastview.com/> - коллекция журналов «Медицина и здравоохранение» на платформе компании ИВИС. В коллекцию входят журналы как за текущий год, так и архив номеров.

<http://ovidsp.ovid.com/> - полнотекстовая коллекция журналов от ведущего международного медицинского издательства LWW, в которых публикуются актуальные исследования и материалы по различным областям медицины.

<https://link.springer.com/> - полнотекстовая коллекция электронных книг и полнотекстовая политематическая коллекция журналов издательства Springer Nature на английском языке по различным отраслям знаний.

<http://onlinelibrary.wiley.com> - полнотекстовые коллекции, которые включают в себя как текущие, так и архивные выпуски из более чем 1700 журналов издательства John Wiley & Sons, Inc., охватывающие такие области как гуманитарные, естественные, общественные и технические науки, а также сельское хозяйство, медицину и здравоохранение.

<https://www.cochranelibrary.com> - базы данных Кокрейновской библиотеки предоставляют информацию и доказательства для поддержки решений, принимаемых в медицине и других областях здравоохранения, а также информируют тех, кто получает медицинскую помощь. Ресурс позволяет найти информацию о клинических испытаниях, кокрейновских обзорах, некокрейновских систематических обзорах, методологических исследованиях, технологических и экономических оценках по определенной теме или заболеванию.

<https://www.orbit.com/> - база данных патентного поиска, объединяющая информацию о более чем 122 миллионах патентных публикаций, полученную из 120 международных патентных ведомств, включая РосПатент, Всемирную организацию интеллектуальной собственности (ВОИС), Европейскую патентную организацию.

<http://search.ebscohost.com/> - полнотекстовая коллекция, которая включает 144 электронные книги от ведущих научных и университетских издательств и охватывает все дисциплины, изучаемые в медицинском вузе.

<https://nmal.nucleusmedicalmedia.com/home> - база изображений Nucleus Medical Art Library (NMAL). Созданная Nucleus Medical Art, NMAL содержит растущую коллекцию высококачественных иллюстраций и анимаций, изображающих анатомию, физиологию, хирургию, патологию, болезни, состояния, травмы, эмбриологию, гистологию и другие медицинские темы.

[www.jaypeedigital.com](http://www.jaypeedigital.com) - комплексная платформа медицинских ресурсов для студентов, преподавателей, научных и медицинских работников охватывает более 60 медицинских специальностей, включая смежные области - стоматологию, уход за больными, физиотерапию, фармакологию. Цифровой контент JAYPEE DIGITAL содержит клиническую диагностику, лабораторные исследования, современные хирургические процедуры, клинические методы от лучших специалистов отрасли по всему миру.

<https://eduport-global.com/> - электронная библиотека медицинской литературы от CBS Publishers & Distributors Pvt. Ltd., одного из ведущих издательств на Индийском субконтиненте, известного своими качественными учебниками по медицинским наукам и технологиям.

### 6.3. Лицензионное и свободно распространяемое программное обеспечение, в том числе отечественного производства

№ п/п	Наименование	Описание	Кол-во	Поставщик	Где установлено
1.	Права на программу для ЭВМ система антивирусной защиты персональных компьютеров <b>Dr.Web Desktop Security Suite</b> Комплексная защита + Центр управления	Антивирусная защита (российское ПО)	2500	ООО «Софтлайн Трейд»	Сервера, кафедры и подразделения Университета
2.	Права на программу для ЭВМ система антивирусной защиты рабочих станций и файловых серверов <b>Kaspersky Endpoint Security для бизнеса</b> – Стандартный Russian Edition. 500-999 Node 1 year Educational Renewal License	Антивирусная защита (российское ПО)	600	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры подразделения Университета
3.	Права на программу для ЭВМ Офисное программное обеспечение <b>МойОфис Стандартный</b>	Офисный пакет (российское ПО)	1500	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры подразделения Университета
4.	Права на программу для ЭВМ Операционная система для образовательных учреждений <b>Астра Linux Special Edition</b>	Операционная система (российское ПО)	1500	ООО «Софтлайн Трейд»	Кафедры подразделения Университета
5.	Права на программу для ЭВМ Система контент-фильтрации <b>SkyDNS</b>	Фильтрация интернет-контента (российское ПО)	1	ООО «Софтлайн Трейд»	Сервер
6.	Права на программу для ЭВМ Система для организации и проведения веб-конференций, вебинаров, мастер-классов <b>Mirapolis Virtual Room</b>	Организации веб-конференций, вебинаров, мастер-классов (российское ПО)	1	ООО «Софтлайн Трейд»	Сервер
7.	Права на программу для ЭВМ Система дистанционного обучения <b>Русский Moodle 3KL</b>	Учебный портал (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	«Софтлайн Трейд»	Хостинг на внешнем ресурсе
8.	Права на программу для ЭВМ "АИС «БИТ: Управление вузом»"	Электронный деканат (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	Компания «Первый БИТ»	Сервер

		ПО) (российское ПО)			
9.	Права на программу для ЭВМ «1С-Битрикс: Внутренний портал учебного заведения» (неогр. кол-во пользователей)	Корпоративный портал (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	ООО «ВэбСофт»	Сервер
10.	Права на программу для ЭВМ «1С-Битрикс: Управление сайтом - Эксперт»	Сайт ОО (в составе ЭИОС БГМУ) (российское ПО)	1	ООО «ВэбСофт»	Хостинг на внешнем ресурсе
11.	Права на программу для ЭВМ «1С-Битрикс: Сайт учебного заведения»		1	ООО «ВэбСофт»	Хостинг на внешнем ресурсе
12.	Права на программу для ЭВМ "Информационная система управления вузом" (ИСУУ)	в составе ЭИОС БГМУ	1	ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный морской технический университет»	Кафедры и подразделения Университета