

Структура подпространства «микробиология» как часть единого цифрового пространства научных знаний*

На примере тематической области «Микробиология» рассматриваются методологические аспекты формирования единого цифрового пространства научных знаний (ЕЦПНЗ), а также основные универсальные классы объектов («персоны», «публикации», «патенты / авторские свидетельства», «архивные документы», «организации») и классы, специфичные для микробиологии («базы данных и коллекции микроорганизмов», «штаммы микроорганизмов»). При выборе профилей метаданных объектов предлагается использовать 10-летний опыт электронной библиотеки «Научное наследие России» и набор атрибутов, принятых для описания штаммов и коллекций в Национальном биоресурсном центре – «Всероссийская коллекция промышленных микроорганизмов» (НБЦ ВКПМ). Описывается методология создания базового рубрикатора как основы предметной онтологии. Практическая реализация этой методологии на примере микробиологии позволила объединить терминологические массивы разных информационных источников с разными системами классификации в единый массив. Для решения задач формирования контента ЕЦПНЗ проведены оценки общего количества отечественных книг и научных статей в области микробиологии.

Ключевые слова: пространство знаний, методология формирования, классификационная система, микробиология, предметная онтология, метаданные, сетевые технологии, информационные ресурсы, базы данных, тезаурус

DOI: 10.36535/0548-0019-2020-11-4

ВВЕДЕНИЕ

Единое цифровое пространство научных знаний (ЕЦПНЗ) представляет собой совокупность подпространств, отражающих знания по отдельным разделам науки, построенным по единым принципам. Каждое подпространство содержит свой контент, включающий цифровые образы объектов реального мира с их связями; метаданные, отражающие свойства объектов; предметные онтологии (тезаурусы, термины, индексы классификационных систем, описывающие определенную научную область). В контент каждого подпространства входят основные постулаты и законы конкретного научного направления (со ссылками на описывающие их фундаментальные труды и их полные тексты); фактографии, связанные с предметами изучения этой области, и полные тексты публикаций, откуда взята эта фактография [1, 2]. В качестве объектов ЕЦПНЗ выступают также цифровые модели, отражающие результаты научных исследований (в том числе модели природных явлений).

ЕЦПНЗ включает различные классы объектов, часть из которых может относиться к любому тематическому подпространству (универсальные классы), а часть – только к конкретной научной области. К универсальным классам относятся объекты, структура и набор метаданных которых (далее – профиль метаданных) не зависят от принадлежности к тому или иному тематическому подпространству. К ним принадлежат такие классы как «персона», «публикация», «организация», «географические объекты» и др. Наряду с универсальными в каждом подпространстве присутствуют свои классы, специфичные для направления науки. Например, «теорема», «аксиома», «уравнение» – характерны для математики; «элемент», «вещество», «реакция» – для химии; «язык», «корпус текста» – для языкознания.

Выявление основных классов объектов, относящихся к научному подпространству ЕЦПНЗ, формирование профилей метаданных объектов каждого класса являются основными задачами при проектировании любого тематического подпространства ЕЦПНЗ. В настоящей работе приводятся результаты исследований в области создания подпространства ЕЦПНЗ, описывающего знания по микробиологии (далее – ПП «Микробиология»).

* Работа выполнена при поддержке РФФИ, гранты №№ 18-00-00376 (К), 18-00-00294, 18-00-00372.

КЛАССЫ ОБЪЕКТОВ ПОДПРОСТРАНСТВА «МИКРОБИОЛОГИЯ»

Основными *универсальными* классами, описывающими фундаментальные знания в области микробиологии (как и в других научных областях), являются:

- «персоны» – ученые, внесшие и вносящие значительный вклад в развитие отечественной микробиологии;
- «публикации» – основные фундаментальные издания, описывающие достижения в области микробиологии;
- патенты / авторские свидетельства;
- архивные документы;
- «организации» – научные учреждения, проводившие исследования в области микробиологии на различных этапах ее развития.

Профили метаданных объектов этих классов являются универсальными для всего ЕЦПНЗ и предусматривают связи различных видов между ними.

Так, между объектами классов «персона» и «публикация» возможны связи типа «автор», «редактор», «объект содержания» (аналог библиотечной формулировки «о нем»), «прочие» (связи, не являющиеся принципиальными с точки зрения микробиологии – составитель, переводчик, художник и т.п.). Между объектами класса «персона» и «организация» устанавливается связь «сотрудник»; между объектами класса «организация» и «публикация» – «издатель» или «спонсор» (в частности, в случаях, когда издание опубликовано при поддержке гранта какого-либо фонда, специализирующегося в области микробиологии). Допускаются связи между экземплярами различных видов внутри класса «публикации». Публикация на аналитическом уровне (статья) имеет связь вида «входит в» с одной из публикаций на монографическом уровне (например, с выпуском журнала), которая, в свою очередь, связана таким же видом связи с публикацией сводного уровня (описание журнала в целом). Каждая публикация на аналитическом уровне имеет связи с элементами предметных онтологий (возможно, различных тематических подпространств); на монографическом уровне публикации, не имеющие в своем составе разделов, представленных в виде отдельных объектов, также должны иметь связи с элементами предметных онтологий.

Примером метаданных, описывающих универсальные классы объектов с их связями, может служить электронная библиотека «Научное наследие России» (ЭБ ННР) [3, 4], включающая развернутые сведения об ученых, внесших существенный вклад в развитие российской науки, их основных публикациях, связанную с ними музейную и архивную информацию. Профили метаданных, разработанные применительно к ЭБ ННР [5] и используемые на практике более 10 лет, могут служить прототипом профилей метаданных объектов универсальных классов в ЕЦПНЗ.

К локальному классу объектов, специфичных для микробиологии, относятся, в первую очередь, штаммы микроорганизмов. Принципиальным направлением исследований в микробиологии являются накопление и обмен выявленной в ходе исследований информацией о новых штаммах и новых свойствах об-

известных. Эта информация отражается в специальных базах данных [6], коллекциях [7] и каталогах [8] микроорганизмов – важнейших элементах информационной среды микробиологии. Соответственно, эти элементы должны рассматриваться в качестве отдельных объектов подпространства «Микробиология».

В основу профиля метаданных объектов класса «микроорганизмы» могут быть положены разделы паспортов штаммов, заполняемые при их депонировании в Центре коллективного пользования «Коллекции микроорганизмов» [9]. Паспорт содержит 20 разделов, которые могут рассматриваться в качестве атрибутов метаданных штаммов с заменой названия организаций, персон и публикаций на соответствующие ссылки на них в ЕЦПНЗ. Кроме сведений из паспорта метаданные каждого штамма должны содержать ссылки на базы данных, коллекции и каталоги, содержащие развернутую информацию о штамме, а также на элементы предметной онтологии ПП «Микробиология».

Минимальные профили метаданных объектов класса «Базы данных / коллекции / каталоги» включают следующие атрибуты:

- название;
- тип объекта (база данных / коллекция / каталог);
- ссылка на поддерживающую организацию (организации);
- ссылки на персон, связанных с формированием и поддержкой объекта;
- ссылки на публикации, посвященные объекту;
- URL (Uniform Resource Locator) объекта;
- ссылки на элементы предметной онтологии ПП «Микробиология»;
- описание объекта.

ФОРМИРОВАНИЕ ПРЕДМЕТНОЙ ОНТОЛОГИИ ПОДПРОСТРАНСТВА «МИКРОБИОЛОГИЯ»

Возможность многоаспектного поиска объектов по запросам на естественном языке с использованием индексов различных классификационных систем, позволяющих проводить обобщенный поиск, обеспечивает предметная онтология подпространства ЕЦПНЗ. Исходя из этого, в предметную онтологию любого подпространства ЕЦПНЗ включены индексы тех классификационных систем, которые используются для описания объектов универсальных классов, в первую очередь, публикаций и описаний изобретений. Для отечественных научных объектов такими системами являются Универсальная десятичная классификация (УДК), Государственный рубрикатор научной и технической информации (ГРНТИ), Библиотечно-библиографическая классификация (ББК), Международная классификация изобретений (МКИ). В качестве элементов предметной онтологии, наряду с индексами этих классификационных систем, выступают ключевые термины, относящиеся к конкретному научному направлению. Для формирования репрезентативного набора ключевых терминов мы предлагаем использовать базы данных цитирования – Web of Science Core Collection (WoS CC) – для английских терминов и Российский индекс научного цитирования (РИНЦ) – для русскоязычных. Методика

отбора ключевых терминов заключается в том, что научная область разбивается на ряд разделов; по каждому выделенному разделу в базах данных определяется «ядро» статей, опубликованных за заданный промежуток времени. В ядро включаются наиболее цитируемые статьи, выделяемые по закону Брэдфорда из массива полученных по соответствующему разделу. Из каждой статьи, относящейся к ядру каждого раздела, выделяются авторские ключевые термины, которые, в совокупности, составляют основу терминологической части предметной онтологии научного направления.

Чтобы повысить эффективность поиска и навигации в ЕЦПНЗ, между элементами предметной онтологии (как ключевыми терминами, так и индексами классификационных систем) устанавливаются попарно связи. Если *A* и *B* элементы предметной онтологии, в той или иной мере связанные между собой на понятийном уровне, то указывается один из четырех типов связей: «*A* эквивалентен *B*», «*A* входит в *B*», «*A* содержит *B*», «*A* пересекается с *B*».

Таким образом формируется предметная онтология, фактически представляющая собой тезаурус, расширенный связанными с его элементами индексами различных классификационных систем.

Эта работа сложная, многоаспектная и носит комплексный характер. Первоначально необходимо решить проблему создания базового рубрикатора для конкретной научной области по микробиологии на основе использования различных выше перечисленных классификаторов. Для этого мы проанализировали международный опыт аналогичных проектов, а также действующие системы российских и международных классификаций сферы науки. Методология формирования предметной онтологии по микробиологии достаточно подробно изложена в [10].

Предлагаемый нами базовый рубрикатор по микробиологии сформирован с учетом предъявляемых к подобным инструментам в международной практике следующих основных требований:

- соответствие объективным тенденциям развития науки и образования с учетом специфики отдельных отраслей науки;
- наличие перечня рубрик с достаточно гибкой возможностью их оптимизации, предусматривающей объединение близких и упорядочение дублирующих друг друга научных областей, систематизацию категорий и исключение необоснованной их дифференциации;
- минимальная степень организации рубрик должна быть выражена в иерархии, т.е. явным образом отмеченных (обозначенных кодами рубрик) родовых отношениях, уровнях подчинения и соподчинения с простой и линейной структурой;
- наличие таблиц перевода в другие общепринятые государственные классификаторы для организации системы взаимосвязанных рубрикаторов;
- названия рубрик рубрикатора должны иметь английский эквивалент;
- текстовые обозначения рубрик должны быть проиндексированы ключевыми словами для расширения функций рубрикатора.

Базовый рубрикатор по микробиологии представляет собой довольно простую трёхуровневую иерархию. Построение первого уровня рубрикатора основано на классической концепции создания классификационных систем. Структура последовательно раскрывает содержание основных понятий в области микробиологии: от общих проблем к теоретическим аспектам и далее – к вопросам, связанным со спецификой изучаемых объектов, их свойствами, процессами, методами их получения с переходом к задачам их применения в различных областях знания. Базовый рубрикатор по микробиологии разработан с нашим участием с учетом особенностей классификатора областей науки Всероссийского института научной и технической информации Российской академии наук (ВИНИТИ РАН), достаточно подробного с более глубокой детализацией в области микробиологии. Глубина классификации определяется необходимостью наиболее полного и точного описания содержания научной области и ее спецификой – разные рубрики развиты на разную глубину. По каждому разделу были установлены связи с соответствующими индексами УДК, ГРНТИ, ББК, МКИ.

В научных публикациях всегда содержатся авторские ключевые слова, которые отражают тематику статьи. Массив таких слов является ценным материалом для расширения возможностей рубрикатора по теме «Микробиология». Надо заметить, что эта научная проблематика охватывает огромный спектр естественнонаучных дисциплин и поэтому тематический поиск статей для сбора ключевых слов для всех рубрик и подрубрик по данной теме представляет определенные трудности: слишком большое рассеяние информации и чрезвычайно высокий уровень «шума» при поиске по внешним электронным ресурсам. Поэтому основная задача в процессе выявления актуальных статей по микробиологии – это максимальное сужение границ поиска для достижения необходимых результатов. Благодаря применению разработанной нами методики, были достигнуты определенные положительные результаты, которые подробно представлены в [10].

Из базы данных WoS CC мы отобрали группы статей по каждому из разделов, внутри каждой группы выбрали авторские ключевые термины. WoS CC позволяет импортировать информацию в структурированном виде. РИНЦ, к сожалению, такую возможность не предоставляет, поэтому русскоязычные ключевые термины были получены путем перевода англоязычных. В результате был сформирован массив ключевых терминов, связанных с индексами вышеуказанных рубрикаторов через связи с выделенными разделами по микробиологии.

На примере разработанного рубрикатора «Микробиология» мы показали методику по определению наиболее активно развивающихся научных тем на основе метода частотного распределения ключевых слов. Можно предположить, что доля уникальных ключевых слов в рубриках может служить индикатором, показывающим широту спектра разнообразия исследований, методов, организмов: чем больше доля таких слов, тем более разнообразными являются исследования. Например, в результате анализа было

выявлено, что по числу документов выделяется рубрика «Генетика дрожжей и микроскопических грибов», вобравшая в себя наибольшее количество документов, а на долю уникальных ключевых слов приходится 83%. К активно развивающимся рубрикам можно отнести «Почвенную микробиологию», «Геомикробиологию», «Взаимоотношение возбудителя и хозяина» и «Генетику бактерий».

Ключевые термины вместе с выделенными рубриками микробиологии и их связями с индексами рубрикаторов были нами загружены в модифицированную систему «Гермин» [11, 12]. Таким образом, была создана основа предметной онтологии по микробиологии. Очевидно, что для получения полноценной онтологии связи между ее элементами должны быть отредактированы и дополнены экспертами в области микробиологии, что будет следующим этапом исследований в этой области.

НАПОЛНЕНИЕ КОНТЕНТА ПОДПРОСТРАНСТВА «МИКРОБИОЛОГИЯ»

Для формирования метаданных универсальных объектов основные источники информации – это общемировые и отечественные научные библиографические базы данных (в первую очередь, такие как WoS CC, Scopus, Derwent, РИНЦ), каталоги ведущих научных библиотек, сайты научных организаций. Анализ этих ресурсов позволил выявить несколько десятков российских научных организаций (преимущественно входящих в бывшие структуры РАН и РАНХ) и около 30 вузов, ведущих в настоящее время исследования в области микробиологии и публикующих материалы, отражаемые в указанных ресурсах.

Основной перечень российских ученых, публикующих работы в области микробиологии, также может быть определен на основе обработки информации из перечисленных библиографических баз данных. Однако необходимо отметить, что, если зарубежные базы данных позволяют импортировать информацию в структурированном формате и выбирать данные об авторах публикаций с помощью простейших программных средств, то РИНЦ, как уже было отмечено, такой возможности не предоставляет. Информация из этой системы экспортируется только в текстовом виде как совокупность библиографических описаний статей, причем без указания места работы авторов. Для получения информации, необходимой для загрузки в ЕЦПНЗ, следует разрабатывать нетривиальные алгоритмы для обработки данных из РИНЦ.

Как уже было указано, ЕЦПНЗ должно содержать полные тексты наиболее важных опубликованных материалов по различным направлениям науки. Для оценки объема работ, связанных с отбором таких материалов, нужна информация о количестве публикаций, выходящих в стране по рассматриваемому направлению науки.

Мы попытались оценить среднее годовое количество книг и статей, публикуемых в стране по микробиологии. Наиболее очевидный путь оценки количества выходящих в стране книг – обращение к статистике Российской книжной палаты (Российская книжная палата. Статистика. URL: <http://bookchamber.ru>) или ста-

тистическому сборнику «Печать Российской Федерации» [13], ежегодно публикуемому Российской книжной палатой (РКП), в котором приводятся данные о литературе по видам и тематическим разделам. Однако микробиологию выделить из общего потока оказалось крайне сложно, поскольку она «погружена» в раздел «Биология. Природоведение» рубрикатора РКП, по которому, согласно статистике, ежегодно в стране выходит более 12 тыс. книг и брошюр.

Достоверные данные о ежегодно издаваемых книгах по микробиологии, казалось бы, можно получить в крупнейших библиотеках, куда поступает полный обязательный экземпляр издания, в частности, в Российской государственной библиотеке (РГБ) и Российской национальной библиотеке (РНБ), что мы и попытались сделать (URL: <https://www.rsl.ru/>).

Электронный каталог РНБ (URL: https://primo.nlr.ru/primo-explore/search?vid=07NLR_VU1&mode=advanced) предоставляет возможность поиска материалов с ограничениями по «типу» и интервалам по годам издания. Задав в качестве предметной рубрики микробиологию, выбрав тип материала «книги», язык «русский», мы получим, что за последние 10 лет в фонды РНБ поступило 272 отечественные книги по микробиологии. Чтобы исключить неполный 2020 г. и задержки с поступлением и обработкой обязательного экземпляра, вычтем из этого количества поступления за последние 2 года (39 книг) и получим, что за период 2011-2018 гг. в РНБ поступило 233 книги по микробиологии. Примерно такое же количество отечественных книг по микробиологии поступило за этот период и в Библиотеку по естественным наукам (БЕН) РАН (Каталог БЕН РАН. URL: <http://benran.ru>), которая, в отличие от РНБ, получает не полный обязательный экземпляр, а отбирает в РКП исключительно научные издания по естественным наукам. По данным сводного каталога БЕН РАН (URL: <https://cbook.benran.ru/>) [14] в библиотеки ее централизованной системы за 2011-2018 гг. поступило 206 наименований книг по микробиологии. Таким образом, оценки показывают, что в стране, в среднем, за последнее время ежегодно публикуется 30 книг по микробиологии. Что касается изданий прошлых лет, то в электронную библиотеку «Научное наследие России» введено 70 изданий по микробиологии, опубликованных в XIX и первой половине XX вв. [15].

Для оценки количества отечественных статей, публикуемых в области микробиологии, мы воспользовались Российским индексом научного цитирования (РИНЦ). За 8 лет (2011-2018 гг.) в БД РИНЦ нашлось 114118 статей по микробиологии, опубликованных в журналах и материалах конференций. При этом за первый год из рассматриваемого периода было опубликовано 10894 статьи, за два первых года 22228, а за последние два года – 34209 статей. Это означает, что среднегодовое количество отечественных статей по микробиологии в настоящее время составляет около 17 тыс. и возрастает ежегодно примерно на 8%.

Очевидно, что для загрузки в ЕЦПНЗ необходимо отбирать наиболее важные издания как среди книг, так и среди статей. Учитывая, что, как показывает предварительный анализ, среди современных книг по микробиологии преобладают учебные материалы во

многим повторяющиеся друг друга, для отбора книг, подлежащих загрузке в ПП «Микробиология», необходимо будет проанализировать сравнительно небольшое количество книг. Для их отбора целесообразна экспертная система, подобная работавшей в БЕН РАН более десяти лет [16]. Для отбора статей можно использовать комбинированные методы, базирующиеся как на библиометрическом анализе цитируемости публикаций, так и на других методах оценки их качества.

Источниками контента, специфичного для микробиологии, как уже указывалось, являются базы данных, коллекции и каталоги микроорганизмов. Они достаточно широко представлены в Интернете на сайтах научных организаций, которых по данным каталога «Наука в Рунете» насчитывается 44 [17].

Всероссийская коллекция микроорганизмов (ВКМ), созданная и поддерживаемая Институтом биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, – это крупнейшая в России коллекция микроорганизмов по показателю разнообразия поддерживаемых культур и одна из крупнейших по общей численности фонда (около 20 тыс. штаммов). Она включает представителей всех основных надцарств (грибы, бактерии, археи) и физиологических групп (в том числе анаэробы и экстремофилы), более 2,5 тыс. типовых (эталонных) штаммов [8].

Одна из крупнейших – это «Коллекция уникальных и экстремофильных микроорганизмов различных физиологических групп биотехнологического назначения UNIQEM» [18], созданная в Институте микробиологии им. С.Н. Виноградского и поддерживаемая в настоящее время ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии РАН».

Всероссийская коллекция промышленных микроорганизмов [19], созданная в НИЦ «Курчатовский институт», включает информацию о нескольких тысячах микроорганизмов различных видов.

Список 19-ти основных коллекций микроорганизмов немедицинского профиля представлен на сайте URL: <http://www.vkm.ru/rus/Collections.htm>.

Ввод в подпространство «Микробиология» информации о коллекциях, базах данных и каталогах микроорганизмов на настоящем этапе может осуществляться вручную. Информация о конкретных штаммах (заполнение профилей метаданных) может формироваться путем конвертирования информации из существующих баз данных и коллекций.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Исследования по формированию Единого цифрового пространства научных знаний, отраженные в настоящей статье, выполнены при поддержке РФФИ. В основе программной оболочки, поддерживаемой формируемые базы данных ПП «Микробиология», лежат разработки платформы SciRus [5, 11] и LibMeta [20]. Задача ближайших исследований – определение круга ученых, внесших существенный вклад в развитие микробиологии, и базовых публикаций в области микробиологии. Ее предполагается решать на основе обработки информации, имеющейся в таких базах данных, как WoS CC, Scopus, РИНЦ,

INPADOC и других, отражающих научные достижения в области микробиологии. Одновременно с этими работами отрабатывается интерфейс, обеспечивающий поиск данных и навигацию между разнородными ресурсами, входящими в подпространство «Микробиология».

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Антопольский А.Б., Каленов Н.Е., Серебряков В.А., Сотников А.Н. О едином цифровом пространстве научных знаний // Вестник Российской академии наук. – 2019. – Т. 89, № 7. – С. 728-735.
2. Антопольский А.Б. и др. Принципы построения и структура единого цифрового пространства научных знаний (ЕЦПНЗ) // Научно-техническая информация. Сер. 1. – 2020. – № 4. – С. 9 – 17.
3. Каленов Н.Е., Савин Г.И., Серебряков В.А., Сотников А.Н. Принципы построения и формирования электронной библиотеки "Научное наследие России" // Программные продукты, системы и алгоритмы. Электронный журнал. – URL: <http://www.swsys-web.ru>, 2012. – Т. 4, № 100. – С. 30-40.
4. Каленов Н.Е., Кириллов С.А., Соболевская И.Н., Сотников А.Н. Современное состояние электронной библиотеки "Научное наследие России" // Труды НИИСИ РАН. Математическое и компьютерное моделирование сложных систем: теоретические и прикладные аспекты. – 2018. – Т. 8, № 6. – С. 166-169.
5. Якшин М.М. Платформа SciRus – основа технологического комплекса электронной библиотеки "Научное наследие России" // Электронные библиотеки: перспективные методы и технологии, электронные коллекции: Труды XVI Всероссийской научной конференции «RCDL-2014». – М., 2014. – С. 362-368.
6. Базы данных ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии». – URL: <https://www.fbras.ru/services/bazy-dannux> (дата обращения 17.06.2020).
7. Коллекции микроорганизмов ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии». – URL: <https://www.fbras.ru/services/kollektsii> (дата обращения 17.06.2020).
8. Каталог микроорганизмов Национального биоресурсного центра. – URL: <https://vkpm.genetika.ru/katalog-mikroorganizmov/> (дата обращения 17.06.2020).
9. Паспорт депонирования микроорганизма. – URL: <https://vkpm.genetika.ru/uslugi-vkpm/deponirovanie-mikroorganizmov/pasport-deponiruемого-mikroorganizma/> (дата обращения 17.06.2020).
10. Цветкова А.В., Харьбина Т.Н., Мохначева Ю.В., Бескаравайная Е.В., Митрошина И.В. Особенности совмещения классификационных систем и формирования массива ключевых слов для определения пространства знаний по микробиологии // НТБ. – 2019. – № 11. – С. 25-43.

11. Kalenov N.E., Senko A.M. Interactive system of terminological dictionaries as one of the elements in the ontology of scientific knowledge // Software Journal: Theory and Applications (electronic Journal). – 2019. – Iss. 4. DOI: 10.15827/2311-6749.33.423.
12. Shaburova N. N. Operational experience in DB “TERMIN” // Journal of Information Science Theory and Practice. – 2019. – №7(3). – P. 21-30. DOI: <https://doi.org/10.1633/JISTaP.20197.3.2>.
13. Печать Российской федерации. – URL: <http://www.bookchamber.ru/statistics.html> (дата обращения 17.06.2020).
14. Власова С.А., Каленов Н.Е. Интернет-каталог Библиотеки по естественным наукам Российской академии наук как специальная информационно-поисковая система, ориентированная на квалифицированного пользователя // Системы и средства информатики. – 2019. – Т. 29, № 1. – С. 86-95.
15. Рябова В.И. Наполнение электронной библиотеки "Научное наследие России" информацией в области естественных наук // Материалы Международного научного семинара «Современные проблемы книжной культуры: основные тенденции и перспективы развития» (Минск, 2-3 апреля 2014 г. – Центральная науч. б-ка им. Я. Коласа НАН Беларуси). – Минск: Белорусская наука, 2014. – С. 47-51.
16. Власова С.А. Плюсы экспертной системы: действующая версия // Библиотека. – 2015. – № 3. – С. 22-24.
17. Каталог «НАУКА В РУНЕТЕ». – URL: <https://elementy.ru/catalog?page=2&type=72> (дата обращения 17.06.2020).
18. Коллекция микроорганизмов UNIQEM. – URL: <https://www.fbras.ru/services/ckp/tskp-kollektsiya-uniqem> (дата обращения 17.06.2020).
19. Всероссийская коллекция микроорганизмов. – URL: <http://www.vkm.ru/rus/> (дата обращения 17.06.2020).
20. Атаева О. М., Серебряков В. А. Онтология цифровой семантической библиотеки LibMeta // Информатика и её применение. – 2018. – Т. 12, Вып. 1. – С. 2–10.

Материал поступил в редакцию 27.06.20.

Сведения об авторах

ЦВЕТКОВА Валентина Алексеевна – доктор технических наук, профессор, главный научный сотрудник БЕН РАН
E-mail: vats08@mail.ru

КАЛЕНОВ Николай Евгеньевич – доктор технических наук, профессор, главный научный сотрудник, Межведомственный суперкомпьютерный центр РАН – филиал НИИСИ РАН, Москва
E-mail: nekalenov@jsgcc.ru

СОТНИКОВ Александр Николаевич – доктор физико-математических наук, профессор, зам. директора, Межведомственный суперкомпьютерный центр РАН – филиал НИИСИ РАН
E-mail: asotnikov@jsgcc.ru

ХАРЫБИНА Татьяна Николаевна – старший научный сотрудник Библиотеки по естественным наукам РАН (БЕН РАН), Москва
E-mail: natsl@vega.protres.ru