

# **СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ КАНДИДАТСКОГО ЭКЗАМЕНА ПО ДИСЦИПЛИНЕ «МАТЕМАТИЧЕСКАЯ БИОЛОГИЯ, БИОИНФОРМАТИКА»**

## **I. Основные главы математической биологии и биоинформатики**

### **Раздел 1. Предметная область биоинформатики**

- 1.1 Предметная область биоинформатики - изучение организации и функционирования биологических систем на основе теоретических представлений, методов и технических средств информатики. Взаимодействие биологических отраслей, математических дисциплин. Характеристики живого как сложной системы. Самоорганизация биологических систем. Бионика. Биокибернетика. История возникновения биоинформатики в ходе развития информационных наук и технологий. Фундаментальные и прикладные аспекты биоинформатики.
- 1.2. Понятие «биологическая информация». Принципы восприятия, передачи и обработки информации в организме. Биоинформационная поддержка генной инженерии, селекции микроорганизмов, растений, животных. Основы биотехнологии.
- 1.3. Уровни организации и уровни изучения живой материи: макромолекулы, клетки, органы, ткани, организмы, популяции, виды, биогеоценозы, биосфера. Биологическое разнообразие.
- 1.4. Планирование и основные этапы биологического исследования. Статистические методы обработки медико-биологических данных. Пакеты компьютерных программ.
- 1.5. Теория динамических систем. Синергетика. Явления самоорганизации. Критика термодинамической трактовки информации (Д.С. Чернавский). Макро- и микроинформация.

### **Раздел 2. Геномика и протеомика**

- 2.1. Базы и банки биологических и медицинских данных. Информационная поддержка исследований. Экспертные системы.
- 2.2. Виды и свойства информации. Классическая теория информации. Теория кодирования. Энтропия как мера неопределенности стационарного случайного процесса. Количество информации и способы его измерения.
- 2.3. Геномика: компьютерное картирование генов и геномов.
- 2.4. Компьютерная протеомика. Структурная биология.
- 2.5. Эволюционная биоинформатика. Филогения.

### **Перечень учебной литературы**

1. Compeau P. and Pevzner P. Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach. Volumes 1 & 2. //Active Learning Publishers, LLC. 2015.  
<https://pl.1lib.to/book/3556288/814209>; <https://pl.1lib.to/book/3556289/36e0e8>
2. Pevzner J. Bioinformatics and Functional Genomics. 3-rd edition. //Wiley-Blackwell. 2015. 1124 p. ISBN: 978-1-118-58178-0.
3. <https://media.oippdf.com/pdf/23591902-027a-44ee-bde3-a79668049626.pdf>
4. Pevzner P., Shamir R. Bioinformatics for Biologists //Cambridge University Press, 2011. 394 p.  
<https://bioinformaticscollege.ir/edufile/BioinformaticsCollege-BioinformaticsForBiologist.pdf>
5. Системная компьютерная биология (ред. Колчанов Н.А., Гончаров С.С., Лихошвай В.А., Иванисенко В.А.) // Издательство СО РАН. 2008. — 768с.

6. Афонников Д.А., Миронова В.В. Системная биология. // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2014. Т. 18. № 1. С. 175-192.
7. Klipp E., Kowald A., Liebermeister W., Wierling C. Systems Biology. A Textbook. // Wiley-VCH, 2016. Weinheim, 596c. <https://pl.lib.to/book/5935986/2ee871>

### **Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»**

1. Coursera. Bioinformatics Specialization.  
<https://www.coursera.org/specializations/bioinformatics>
2. Журнал «PLOS computational biology» <http://journals.plos.org/ploscompbiol/>
3. Журнал «Bioinformatics» <https://academic.oup.com/bioinformatics>

## **II. Моделирование биологических систем и процессов**

### **Раздел 1. Основные понятия математического и компьютерного моделирования**

- 1.1. Моделирование реальных систем, процессов и явлений. Математические модели.
- 1.2. Компьютерное моделирование, имитационные и индивидуально ориентированные модели. Теоретические модели больших систем.
- 1.3. Текстовые модели представления знаний и данных. Форматы представления моделей биологических систем, SBML, SBGN.
- 1.4. Теория принятия решений (исследование операций); концепции и механизмы выбора. Выбор оптимального решения; математическое программирование.
- 1.5. Системный анализ. Основные свойства системы: разнообразие, сложность, связность, устойчивость, управляемость, целостность. Типы систем. Задачи структурного анализа систем. Структурная сложность систем.

### **Раздел 2. Математическое и компьютерное моделирование биологических систем**

- 2.1. Моделирование индивидуального развития организмов, дифференцировки и специализации клеток, запрограммированной гибели клеток (апоптоза). Органогенез. Биогенетический закон. Старение; соотношение роли генетических факторов и условий жизни.
- 2.2. Принципы регуляции внутренней среды животных организмов, адаптации к изменениям внешних условий. Модели гомеостаза.
- 2.3. Моделирование метаболизма. Регуляция метаболизма. Ферментативные реакции. Метаболические пути.
- 2.4. Экологическое моделирование. Сообщества организмов. Популяции. Биогеоценозы. Динамика численности сообществ. Методы анализа и моделирования экологических процессов.
- 2.5. Моделирование эволюционных процессов. Теории видообразования.

### **Перечень основной и дополнительной учебной литературы**

Основная литература:

1. Ризниченко Г.Ю. Лекции по математическим моделям в биологии (изд. 2-е, испр. и дополн.). 2011. РХД. 560 стр. <http://sbars.impb.ru/psins/Riznichenko.pdf>
2. Рубин А.Б. Биофизика: в 3-х томах. 2013, ИКИ, 472 стр., 384 стр., 480 стр.

3. Abbott R. et al. Hybridization and speciation //Journal of Evolutionary Biology. – 2013. – Т. 26. – №. 2. – С. 229-246.
4. Costa R. S., Hartmann A., Vinga S. Kinetic modeling of cell metabolism for microbial production //Journal of biotechnology. – 2016. – Т. 219. – С. 126-141.
5. Grimm V., Berger U. Structural realism, emergence, and predictions in next-generation ecological modelling: Synthesis from a special issue //Ecological Modelling. – 2016. – Т. 326. – С. 177-187.
6. Orth J. D., Thiele I., Palsson B. Ø. What is flux balance analysis? //Nature biotechnology. – 2010. – Т. 28. – №. 3. – С. 245-248.

**Дополнительная литература:**

1. Бажан С. И. и др. Математические основы системной биологии: генные сети: математическое моделирование и анализ. – 2015.
2. Фадеев С. И. и др. Исследование математической модели перераспределения вещества в кольцевом ансамбле клеток //Сибирский журнал вычислительной математики. – 2013. – Т. 16. – №. 2. – С. 171-184.
3. Хойл Ф. Математика эволюции. 2012. РХД. 144 стр.  
<https://obuchalka.org/2017032993782/matematika-evolucii-hoil-f-2012.html>
4. Bower J.M., Bolouri H. (editors): Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks. // The MIT Press. 2001. 390 p.
5. Schwartz R. Biological modeling and simulation: a survey of practical models, algorithms, and numerical methods. // The MIT Press. 2008. 402 p.  
[https://doc.lagout.org/science/0\\_Computer%20Science/2\\_Algorithms/Biological%20Modeling%20and%20Simulation\\_%20A%20Survey%20of%20Practical%20Models%2C%20Algorithms%2C%20and%20Numerical%20Methods%20%5BSchwartz%202008-07-25%5D.pdf](https://doc.lagout.org/science/0_Computer%20Science/2_Algorithms/Biological%20Modeling%20and%20Simulation_%20A%20Survey%20of%20Practical%20Models%2C%20Algorithms%2C%20and%20Numerical%20Methods%20%5BSchwartz%202008-07-25%5D.pdf)

### **Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»**

1. COPASI: Biochemical System Simulator <http://copasi.org/>
2. Scilab <http://www.scilab.org/>
3. Group of Molecular Genetic Systems Modeling <http://www.biomodelsgroup.ru/>
4. Журнал «Математическая биология и биоинформатика» <http://www.matbio.org/>
5. Журнал «PLoS computational biology» <http://journals.plos.org/ploscompbiol/>
6. Журнал «Journal of Theoretical Biology» <http://www.journals.elsevier.com/journal-of-theoretical-biology/>

## **III. Современные информационные технологии в биологии**

### **Раздел 1. Основные понятия информационных технологий**

- 1.1. Проблемы информационного обеспечения биомедицинских исследований - фундаментальных и прикладных. Источники информации.
- 1.2. Системы программирования. Языки программирования ЭВМ. Классификация языков. Принцип построения трансляторов. Применение языков программирования (C++, Java, Perl) для решения медико-биологических задач.
- 1.3. Обработка данных. Классы структур данных: иерархические, сетевые и реляционные. Уровни представления данных. Языки описания и манипулирования данными.
- 1.4. Системы управления базами данных (СУБД). Архитектура СУБД. Основные конструкции структур данных. Функции СУБД. Категории пользователей СУБД. Области применения различных типов СУБД.

## **Раздел 2. Представление биологических данных**

- 2.1. Компьютерное представление биологических данных, форматы представления (FASTA, Genbank, EMBL и др.). Аннотация геномов: форматы, программные средства, API.
- 2.2. Форматы представления данных системной биологии. SBW, SBML, SBGN. Программные средства и библиотеки для работы с этими форматами.

## **Раздел 3. Обработка биологических данных**

- 3.1. Расширения языков программирования и API для задач биоинформатики. BioJava, BioPerl, BioPython, BioUML.
- 3.2. Конвейерная обработка данных, понятие pipeline. Методы параллельного программирования. Системы Taverna, OnlineHPC. Использование готовых решений. Разработка подключаемых модулей (plugin).
- 3.3. Информационный поиск. Основные понятия и виды поиска. Информационно-поисковые языки. Стратегии поиска. Функциональная эффективность поиска. Понятия об ассоциативном поиске и условиях его реализации.
- 3.4. Построение экспертных систем. Извлечение экспертных знаний. Базы знаний.
- 3.5. Интеллектуальные информационные системы. Пользовательские интерфейсы.

## **Перечень учебной литературы**

1. Иванова Г. С. // Технология программирования: учебник для вузов - 2-е изд., стер. - М.: Кнорус, 2013. - 333 с. - ISBN 978-5-406-02764-6.
2. Дейт К. Введение в системы баз данных. // М.: Вильямс, 2005. - 1328 с.  
<https://ilshatpro.files.wordpress.com/2017/08/d0ba-d0b4d0b6-d0b4d0b5d0b9d182-d0b2d0b2d0b5d0b4d0b5d0bdd0b8d0b5-d0b2-d181d0b8d181d182d0b5d0bcd18b-d0b1d0b0d0b7-d0b4d0b0d0bdd0bdd18b.pdf>
3. Гарсиа-Молина Г., Ульман Д., Уидом Д. Системы баз данных. Полный курс // М.: Вильямс, 2003. - 1088 с. <https://monster-book.com/sistemy-baz-dannyh>
4. Beckloff N. et al. Bacterial genome annotation //Microbial Systems Biology: Methods and Protocols. – Springer Science+Business Media, 2012. – ISBN 978-1-61779-826-9. DOI 10.1007/978-1-61779-827-6.
5. Порозов Ю.Б., BioPERL. – СПб: НИУ ИТМО, 2012. – 62 с.  
<https://books.ifmo.ru/book/778/BioPERL.htm>
6. Маннинг К.Д., Рагхаван П., Шютце Х. Введение в информационный поиск. пер. с англ. //М.: Вильямс. – 2011.
7. Aniba M. R., Thompson J. D. Knowledge based expert systems in bioinformatics. – INTECH Open Access Publisher, 2010.
8. Аллан Купер об интерфейсе. Основы проектирования взаимодействия / Аллан Купер, Роберт М. Рейманн, Дэвид Кронин – 1-е изд. - Символ-Плюс, 2009. - 688 с. - ISBN 978-5-93286-132-5, 978-0-470-08411-3.
9. Леск А. Введение в биоинформатику // М.: Бином. Лаб. знаний, 2009, 318 стр.
10. Буч Г. Объектно-ориентированный анализ и проектирование с примерами приложений. 3-е изд. // М.: Вильямс, 2008 г.  
[https://fileskachat.com/file/5850\\_c0399360fc996afc8d4296f0953f61fe.html](https://fileskachat.com/file/5850_c0399360fc996afc8d4296f0953f61fe.html)
11. Дурбин Р., Эдди Ш., Крог А., Митчison Г. Анализ биологических последовательностей // РХД, 2006 г., 480 стр.
12. Аверченков В.И., Рощин С.М. Мониторинг и системный анализ информации в сети Интернет: монография / – Брянск: БГТУ, 2006. <https://avidreaders.ru/book/monitoring-i-sistemnyy-analiz-informacii-v.html>

13. <https://www.roschinsm.ru/books/src/book11.pdf>
14. Вирт Н. Алгоритмы и структуры данных. // СПб.: Невский диалект, 2005.
15. Джексон П. Введение в экспертные системы // М.: Вильямс, 2001, 2015.  
<https://nsu.ru/xmlui/handle/nsu/9053>; <https://coollib.net/b/521899-piter-dzhekson-vvedenie-v-ekspertnye-sistemyi-3-izd>
16. Гаврилова Т. А., Хорошевский В. Ф. Базы знаний интеллектуальных систем. // СПб:Питер, 2000.  
[http://www.immsp.kiev.ua/postgraduate/Biblioteka\\_trudy/BazyZnanIntelSistemGavrilova\\_2000.pdf](http://www.immsp.kiev.ua/postgraduate/Biblioteka_trudy/BazyZnanIntelSistemGavrilova_2000.pdf)
17. Никитин И. К. и др. Обзор методов комплексного ассоциативного поиска видео //Новосибирский государственный университет, 2014.
18. Hunter L. Artificial intelligence and molecular biology //AI Magazine. – 1990. – Т. 11. – №. 4. – С. 27. DOI: <https://doi.org/10.1609/aimag.v11i4.867>;  
[http://inis.jinr.ru/sl/Cs\\_Computer%20science/CsAi\\_AI,%20knowledge/Lederberg%20J.,дурбинMIT%20Press,1993\)\(ISBN%200262581159\)\(468s\).pdf](http://inis.jinr.ru/sl/Cs_Computer%20science/CsAi_AI,%20knowledge/Lederberg%20J.,дурбинMIT%20Press,1993)(ISBN%200262581159)(468s).pdf)
19. Захаров В. П. Лингвистические средства информационного поиска в Интернете //Библиосфера. – 2005. – №. 1. <https://www.bibliosphere.ru/jour/article/view/1565>

### **Перечень ресурсов информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»**

1. Сайт проекта BioJava – [www.biojava.org/](http://www.biojava.org/) .
2. Сайт проекта BioPerl – [www.bioperl.org/](http://www.bioperl.org/) .
3. Список открытого программного обеспечения в области биоинформатики -  
[http://en.wikipedia.org/wiki/List\\_of\\_Open\\_Source\\_Bioinformatics\\_software](http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_Open_Source_Bioinformatics_software)
4. Сайт проекта SBML - <http://sbml.org/>
5. Сайт проекта SBGN - <https://sbgn.github.io/>