

**ГОУ ВПО РОССИЙСКО-АРМЯНСКИЙ (СЛАВЯНСКИЙ) УНИВЕРСИТЕТ**

Составлен в соответствии с  
государственными требованиями к минимуму  
содержания и уровню подготовки  
выпускников по направлению 01.04.02  
Прикладная математика и информатика  
и Положением «ОБУМКД РАУ».

УТВЕРЖДАЮ:  
Директор института  
математики и информатики,  
канд. физ.-мат. наук  
Дарбинян Арман Араикович



**Институт: Математики и Информатики**

**Кафедра: Математики и математического моделирования**

**Автор: канд. физ.-мат. наук Дарбинян Арман Араикович**

***УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКИЙ КОМПЛЕКС***

**Дисциплина: Б1.О.08 Системная биология**

Для магистерских программ:

**Магистерская программа: 01.04.02 Вычислительная биология (Computational Biology)**

**Направление: Прикладная математика и информатика**

*Название направления*

**ЕРЕВАН**

## 1. Аннотация

Целью данной дисциплины является дать представление о природе и свойствах сетей белок-белковых взаимодействий и функциях биологических путей. Дисциплина включает обзор свойств биологических сетей, сетевых паттернов, лежащих в основе регуляторных петель обратной связи, а также применения алгоритмов теории графов для их исследования. Студенты также будут применять упрощенное моделирование на основе правил для исследования активации или подавления биологических путей. В рамках дисциплины студенты будут проводить исследования нарушений регуляции биологических путей при заболеваниях. Также будут рассмотрены инструменты и решения для аннотации белок-белковых взаимодействий и биологических путей.

**2. Взаимосвязь с другими дисциплинами специальности:** Дисциплина связана с такими предметами учебного плана как «Молекулярная биология и типы биологических данных», «Геномика», «Вычислительная биология», «Framework(R / Python)», «BIG DATA», «Средства программирования для геномики» и т.д.

**3. Требования к исходным уровням знаний и умений студентов:** Дисциплина базируется на знаниях дисциплин «Молекулярная биология и типы биологических данных», «Introduction to ML» и «Mathematics for ML1».

## 4. Объем дисциплины и виды учебной работы по рабочему учебному плану

Виды учебной работы	Всего часов	Количество часов по семестрам			
		1 сем.	2 сем.	3 сем.	4 сем.
1	2	3	4	5	6
1. Общая трудоемкость изучения дисциплины по семестрам, в т. ч.:	144			144	
1.1. Аудиторные занятия, в т. ч.:	36			36	
1.1.1. Лекции	-			-	
1.1.2. Практические занятия, в т. ч.	36			36	
1.2. Самостоятельная работа	81			81	
2. Форма итогового контроля: Экзамен	27			27	

**5. Распределение весов по формам контроля**

Вид учебной работы/контроля	Вес формы текущего контроля в результирующей оценке текущего контроля			Вес формы промежуточного контроля и результирующей оценки текущего контроля в итоговой оценке промежуточного контроля			Вес итоговых оценок промежуточных контролей в результирующей оценке промежуточного контроля	Вес оценки результирующей оценки промежуточных контролей и оценки итогового контроля в результирующей оценке итогового контроля
	M1 <sup>1</sup>	M2	M3	M1	M2	M3		
Контрольная работа								
Тест								
Курсовая работа								
Лабораторные работы								
Письменные домашние задания								
Эссе								
<i>Другие формы (опрос)</i>								
<i>Другие формы (добавить)</i>								
<i>Другие формы (добавить)</i>								
Вес результирующей оценки текущего контроля в итоговых оценках промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 1-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 2-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей								
Вес итоговой оценки 3-го промежуточного контроля в результирующей оценке промежуточных контролей т.д.								
Вес результирующей оценки промежуточных контролей в результирующей оценке итогового контроля								

Экзамен/зачет (оценка итогового контроля)								1
		$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$	$\Sigma = 1$

## **6. Содержание дисциплины**

### **6.1 Тематический план и трудоемкость аудиторных занятий (Модули, разделы дисциплины и виды занятий) по учебному плану**

Разделы и темы дисциплины	Всего часов	Лекции, часов	Практ. занятия, часов	Семина-ры, часов	Лабор, часов	Другие виды занятий, часов
1	2	3	4	5	6	7
<b>III курс</b>						
<i>МОДУЛЬ 1</i>						
Тема 1. Введение в системную биологию	2		2			
Тема 2. Белки, функции белков, взаимодействия белок-белок и белок-малые молекулы, экспериментальные методы анализа взаимодействий	4		4			
Тема 3. Типы биологических путей и сетей	4		4			
Тема 4. Математическое представление путей/сетей, форматы	4		4			
Тема 5. Базы данных биологических взаимодействий, путей и сетей	4		4			
Тема 6. Визуализация биологических путей и сетей	4		4			
Тема 7. Предсказание взаимодействий и построение биологических путей	4		4			
Тема 8. Совмещение топологической и функциональной информации в биологических сетях	4		4			
Тема 9. Проект	6		6			
<b>ИТОГО</b>	<b>36</b>		<b>36</b>			

## **7. Рекомендуемая литература:**

1. Likić VA, McConville MJ, Lithgow T, Bacic A. Systems biology: the next frontier for bioinformatics. *Adv Bioinformatics*. 2010;2010:268925. doi: 10.1155/2010/268925. Epub 2011 Feb 9. PMID: 21331364; PMCID: PMC3038413.
2. Viswanathan GA, Seto J, Patil S, Nudelman G, Sealfon SC. Getting started in biological pathway construction and analysis. *PLoS Comput Biol*. 2008 Feb;4(2):e16. doi: 10.1371/journal.pcbi.0040016. PMID: 18463709; PMCID: PMC2323403.
3. Arakelyan A, Nersisyan L. KEGGParser: parsing and editing KEGG pathway maps in Matlab. *Bioinformatics*. 2013 Feb 15;29(4):518-9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts730. Epub 2013 Jan 3. PMID: 23292739.
4. Nersisyan L, Samsonyan R, Arakelyan A. CyKEGGParser: tailoring KEGG pathways to fit into systems biology analysis workflows. *F1000Res*. 2014 Jul 1;3:145. doi: 10.12688/f1000research.4410.2. PMID: 25383185; PMCID: PMC4215754.
5. Shannon P, Markiel A, Ozier O, Baliga NS, Wang JT, Ramage D, Amin N, Schwikowski B, Ideker T. Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction

- networks. Genome Res. 2003 Nov;13(11):2498-504. doi: 10.1101/gr.1239303. PMID: 14597658; PMCID: PMC403769.
6. Smoot ME, Ono K, Ruscheinski J, Wang PL, Ideker T. Cytoscape 2.8: new features for data integration and network visualization. Bioinformatics. 2011 Feb 1;27(3):431-2. doi: 10.1093/bioinformatics/btq675. Epub 2010 Dec 12. PMID: 21149340; PMCID: PMC3031041.
  7. Mitrea C, Taghavi Z, Bokanizad B, Hanoudi S, Tagett R, Donato M, Voichița C, Drăghici S. Methods and approaches in the topology-based analysis of biological pathways. Front Physiol. 2013 Oct 10;4:278. doi: 10.3389/fphys.2013.00278. PMID: 24133454; PMCID: PMC3794382.
  8. Mochida K, Koda S, Inoue K, Nishii R. Statistical and Machine Learning Approaches to Predict Gene Regulatory Networks From Transcriptome Datasets. Front Plant Sci. 2018 Nov 29;9:1770. doi: 10.3389/fpls.2018.01770. PMID: 30555503; PMCID: PMC6281826.
  9. Nersisyan L, Johnson G, Riel-Mehan M, Pico A, Arakelyan A. PSFC: a Pathway Signal Flow Calculator App for Cytoscape. F1000Res. 2015 Aug 5;4:480. doi: 10.12688/f1000research.6706.2. PMID: 26834984; PMCID: PMC4706054.
  10. Tarca AL, Draghici S, Khatri P, Hassan SS, Mittal P, Kim JS, Kim CJ, Kusanovic JP, Romero R. A novel signaling pathway impact analysis. Bioinformatics. 2009 Jan 1;25(1):75-82. doi: 10.1093/bioinformatics/btn577. Epub 2008 Nov 5. PMID: 18990722; PMCID: PMC2732297.

**Учебная программа одобрена кафедрой Биоинженерии, биоинформатики и молекулярной биологии**

**Зав. кафедрой: Захарян Р.В.**



*(подпись)*