Приложение № 4
к образовательной программе высшего образования – программе магистратуры
по направлению подготовки 19.04.01 Биотехнология
(направленность (профиль) «Промышленная биотехнология»)

АВТОНОМНАЯ НЕКОММЕРЧЕСКАЯ ОБРАЗОВАТЕЛЬНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ «НАУЧНО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»
(АНОО ВО «УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»)

ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН
ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ
Сертификат: 7835bcdac1c89a3da835a18f6045494f3f404337
Владелец: Некрасова Людмила Андреевна
Действителен: с 08.07.2026 до 08.07.2027

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ (МОДУЛЯ)

«Системная биология»

1. Трудоемкость дисциплины (модуля): 4 з.е.

2. Место дисциплины (модуля) в учебном плане:

Часть, формируемая участниками образовательных отношений, «Профессиональной подготовки» – «Дисциплины (модули) специализации», Блок дисциплин (модулей) по выбору «Анализ метаболизма в биотехнологии», в рамках Блока 1. Дисциплины (модули), реализуется во 2 семестре.

3. Цель дисциплины (модуля): формирование у обучающихся системных знаний, умений и навыков по математическому и компьютерному моделированию биологических систем, позволяющих проводить теоретический анализ механизмов функционирования живых систем и динамических особенностей их поведения на молекулярном, клеточном, организменном и популяционных уровнях их иерархической организации.

4. Задачи дисциплины (модуля):

– сформировать представление о целях и задачах в области создания и анализа математических моделей живых систем; современных методах потокового и динамического моделирования, а также модульного подхода в системно-биологических исследованиях; концепции компьютерной реплики всего организма, так называемого виртуального/цифрового пациента (Virtual/Digital Patient);

– обеспечить владение методами и подходами к разработке и анализу математических моделей на основе двух современных подходов: снизу-вверх (bottom-up) и сверху-вниз (top-down);

– научить обосновывать выбор того или иного метода с учетом всех ограничений и особенностей используемого метода; экспортировать/импортировать модели из/в BioUML, создавать динамическую модель в BioUML в формате SBML и её диаграмму в формате SBGN, проводить симуляции, вычислять концентрации участников модели в стационарном состоянии, проводить и интерпретировать решения системы обыкновенных дифференциальных уравнений; интерпретировать результаты численного исследования моделей при решении фундаментальных и прикладных задач системной биологии в виде Jupyter Notebooks.

5. Перечень разделов дисциплины (модуля) и их краткое содержание:

Наименование раздела (темы) Дисциплины (модуля)	**Краткое содержание**
Раздел 1. Введение в курс.	Вводная лекция по системной биологии. Краткая история дисциплины. Термины, типы моделей, подходы и принципы в системной биологии. Различия и специфика подходов к моделированию: снизу-вверх (bottom-up) и сверху-вниз (top-down). Основные этапы в реконструкции и анализе моделей живых систем. Вывод классического уравнения Михаэлис-Ментен.
Раздел 2. Математическое моделирование в различных компьютерных системах.	Сходства и различия метаболических путей и генных сетей. Основные понятия языков SBML, SBGN и их связь с элементами математической

	модели. Возможности компьютерных систем для моделирования динамики генных сетей и метаболических путей (BioUML, COBRA, COPASI, Cytoscape, CellDesigner и др.). Форматы представления структуры генных сетей и математических моделей молекулярно-генетических систем. Соответствие между SBML и SBGN.
Раздел 3. Основы математического моделирования в BioUML.	Визуальное моделирование и модульный подход в BioUML. Основы моделирования в BioUML и воспроизведения численных расчетов с помощью Jupyter Notebooks.
Раздел 4. Потоковое моделирование метаболических путей.	Основные принципы потокового моделирования. Определение понятий стехиометрии ферментативных реакций, стационарного состояния системы, скорости роста, биомассы бактериальной культуры. Пример потоковой модели метаболизма метанотрофных организмов. Интеграция омиксных данных в потоковые модели.
Раздел 5. Динамическое моделирование внутриклеточных процессов.	Биохимическая природа молекулярно-генетических систем. Законы действующих масс и суммирования локальных скоростей. Специфика и особенности обобщенного химико-кинетического метода моделирования. Смысл и значение теорем Корзухина и Тихонова с позиций моделирования элементарных подсистем в составе комплексных моделей живых систем. Классический пример применения теоремы Тихонова. Основные биохимические реакции. Вывод уравнений, описывающих процессы негативной и позитивной регуляции промоторов. Определение понятий кооперативности и бистабильности.
Раздел 6. Математическое моделирование процессов на уровне тканей и органов.	Основные эмбриональные стадии развития млекопитающих. Плюрипотентность и дифференцировка эмбриональных стволовых клеток (ЭСК). Типы ЭСК. Основные транскрипционные факторы поддержания плюрипотентности ЭСК, коктейль Яманаки. Коровая генная сеть поддержания плюрипотентности. Математическое моделирование механизмов поддержания плюрипотентности и дифференцировки ЭСК.

Раздел 7. Математическое моделирование метаболизма, сигнальных путей и регуляции экспрессии генов в скелетных мышцах человека при физической нагрузке и восстановлении.	Скелетные мышцы (СМ) человека и их свойства. Метаболические, сигнальные и регуляторные изменения в СМ в ответ на физическую нагрузку (ФН) и при восстановлении. Модульные математические модели для описания функционирования СМ в ответ на различные типы ФН. Численные эксперименты модульной модели при непрерывной, прерывистой нагрузках, в тесте с повышающейся нагрузкой.
Раздел 8. Математическое моделирование поведения многоклеточных систем.	Принцип моделирования «от большего к меньшему». Типы многоклеточных моделей: континуальные, агентные и гибридные. Программные комплексы BioFVM и PhysiCell. Примеры задач: модель Гомпертца для роста опухоли, модель хищник-жертва, модели клеточного автомата, клеточная модель Поттса, центр-ориентированная модель, модели деформируемых клеток или вершинные модели, модели некроза, модели biorobots, viris macrophage и cancer immune. Реализация решения в BioUML.
Раздел 9. Математическое моделирование иммунного ответа в организме человека.	Механизмы регуляции иммунитета в организме человека. B- и T-клеточные иммунные ответы в организме человека. Жизненный цикл вируса при заражении и попадании в клетки человека. Существующие модели для описания процессов заражения, размножения и распределения вируса по организму человека с учётом иммунного ответа.

6. Образовательные результаты освоения дисциплины (модуля):

Код и наименование компетенции	**Код и наименование индикатора достижения компетенции**
ПК-1. Способен анализировать, обобщать и использовать фундаментальные и прикладные знания в области биотехнологии и смежных наук для разработки новых биотехнологий и новой биотехнологической продукции	ИПК-1.1. Понимает роль фундаментальных и прикладных знаний в области биотехнологии и смежных наук как основы для разработки новых биотехнологий и новой биотехнологической продукции
	ИПК-1.2. Умеет систематизировать и анализировать научную информацию и результаты экспериментов в области биотехнологии и смежных наук для постановки и решения исследовательских и практических задач

Код и наименование компетенции	Код и наименование индикатора достижения компетенции
	ИПК-1.3. Владеет навыками экспериментальной работы, методологией выбора методов анализа, методами обработки и регистрации результатов экспериментов в области биотехнологии и смежных наук
ПК-2. Способен использовать специализированное программное обеспечение и базы данных, адаптировать современные программные продукты для решения прикладных задач, связанных с разработкой новых биотехнологий и новой биотехнологической продукции	ИПК-2.1. Знает принципы хранения, обработки, распространения и представления информации, современные программные пакеты и базы данных для научных исследований биотехнологической направленности
	ИПК-2.2. Умеет использовать и адаптировать современные информационные технологии при сборе, обработке, анализе и представлении информации в области биотехнологии и смежных наук