

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
«Федеральный исследовательский центр
«Фундаментальные основы биотехнологии»
Российской академии наук»

«ПРИНЯТО»

На заседании Ученого совета

ФИЦ Биотехнологии РАН

Протокол № 9 от 17.12.2021 г.

«УТВЕРЖДАЮ»

Директор

ФИЦ Биотехнологии РАН

А.Н. Федоров



ПРОГРАММА-МИНИМУМ

кандидатского экзамена по специальности

1.5.8. Математическая биология, биоинформатика

Москва, 2021 г.

I. ОСНОВНАЯ ПРОГРАММА

1. Теоретические, математические и методологические основы биологической информатики. Биоинформатика – интегративная дисциплина

1.1. Предметная область биоинформатики – изучение организации и функционирования биологических систем на основе теоретических представлений, методов и технических средств математических дисциплин и информатики (науки, изучающей все аспекты получения, хранения, преобразования, передачи и использования информации). История возникновения биоинформатики в ходе развития информационных наук и технологий. Фундаментальные и прикладные аспекты биоинформатики.

1.2. Классическая теория информации. Теория кодирования. Энтропия как мера неопределенности стационарного случайного процесса. Количество информации и способы его измерения. Избыточность сигналов. Сжатие данных. Ошибки при передаче и хранении данных.

1.3. Комбинаторика. Размещения, перестановки, сочетания. Принцип Дирихле. Принцип включения и исключения. Биномиальные коэффициенты. К-сочетания без повторений, k-сочетания с повторениями, k-перестановки из n элементов. Урновые схемы и схемы раскладки по ящикам. Количество оторбажений конечных множеств. Мультиномиальные коэффициенты. Числа Стирлинга.

1.4. Теория графов. Основные понятия: граф, подграф, путь. Ребра и узлы. Клика, поиск клик. Ориентированные графы. Сильная и слабая связность. Деревья и их основные свойства. Эйлеровы и гамильтоновы циклы. Граф де Брейна. Критерий двудольности графа. Раскраски вершин и ребер графа, хроматическое число. Связность графов.

1.5. Теория вероятностей. Случайные величины, их распределения и моменты. Непрерывные и дискретные случайные величины. Виды распределений: нормальное, биномиальное, гипергеометрическое, распределение Пуассона. Независимость величин. Условная вероятность. Закон больших чисел. Центральная предельная теорема. Теорема Байеса. Дискретная вероятность, основные определения: элементарный исход, событие, вероятность, совместность событий, вероятностное пространство, независимость событий, условная вероятность. Независимость случайных величин.

1.6. Понятие случайного процесса. Типы случайных процессов. Марковский процесс и цепь Маркова. Гомогенные и негомогенные модели Маркова. Скрытая Марковская модель (СММ). Базовые алгоритмы,

связанные с СММ (алгоритм прямого-обратного прохода, Витерби, Баума-Велша).

1.7. Математическая статистика. Описательная статистика: расчет выборочных характеристик. Методы оценивания и проверки гипотез. Параметрические и непараметрические тесты: t-тест, критерий Манна-Уитни. Р-значение. Доверительные интервалы.

1.8. Математическая логика. Алгебра логики. Логические выражения и логические операции. Множества и операции над ними. Отношения и функции. Логика высказываний. Полные системы связей. Исчисление высказываний гильбертовского и генценовского типов. Логика предикатов первого порядка. Общезначимые формулы логики предикатов, кванторы, нормальная форма. Исчисление предикатов гильбертовского типа. Вычислимость, разрешимость, перечислимость. Модели вычислений, машина Тьюринга.

1.9. Теория алгоритмов. Машина Тьюринга. Алгоритмы Маркова. Алгоритмически неразрешимые проблемы. Анализ алгоритмов, время работы и эффективность алгоритмов. O — нотация. NP-полнота.

1.10. Машинное обучение и интеллектуальный анализ данных. Классификация методов машинного обучения. Обучение с учителем, без учителя. Методы классификации и кластеризации. Иерархическая кластеризация, метод k-средних. Логистическая регрессия. Метод максимального правдоподобия. Задачи, решаемые машинным обучением. Оценки качества решения задач. Типы ошибок: ложно-положительные и ложно-отрицательные ошибки. ROC-кривые. Кросс-валидация и bootstrap. Ошибка на выборке для обучения и на тестовой выборке. Анализ главных компонент. Метод опорных векторов. Факторный анализ (Метод главных компонент). Линейная регрессия, метод наименьших квадратов. Регрессионный анализ. Дискриминантный анализ. Выбор оптимальной модели и регуляризация: Mallows's Cp, AIC, BIC, adjusted R**2. Ridge regression, lasso. Методы понижения размерности. Методы, основанные на деревьях: деревья решений, случайный лес. Нелинейные модели.

1.11. Теория принятий решений (исследование операций); концепции и механизмы выбора. Выбор оптимального решения; математическое программирование. Многокритериальные задачи. Теория игр.

2. Программное управление ЭВМ

3.1. Понятие алгоритма. Основные свойства и типы алгоритмов. Вычислительная сложность алгоритма. Структурное проектирование программ.

3.2. Системное программное обеспечение. Операционная система. Организация файлов на диске. Хранение, поиск и обработка данных.

3.3. Прикладное программное обеспечение. Текстовые и графические редакторы. Системы управления базами данных (СУБД). Табличные процессоры. Коммуникационные (сетевые) программы. Прикладные программы специального назначения (пакеты прикладных программ).

3.4. Языки программирования. Классификация языков. Принцип построения трансляторов. Языки программирования в биоинформатике. Сравнительный анализ средств программирования (С (C++, C#), Java (biojava), Perl (bioperl), Python (biopython), R(Bioconductor)).

3. Информационные технологии. Использование в биологии и медицине

4.1. Базы и банки данных. Классы структур данных: иерархические, сетевые и реляционные. Уровни представления данных. Языки описания и манипулирования данными. Системы управления базами данных (СУБД). Архитектура СУБД. Основные конструкции структур данных. Функции СУБД. Методы доступа. Индексы. Хэширование. Языки запросов (SQL и др.).

4.2. Информационный поиск. Основные понятия и виды поиска. Информационно-поисковые языки. Понятия пертинентности, смысловой и формальной релевантности. Критерии выдачи. Модели поиска. Стратегии поиска. Функциональная эффективность поиска. Поисковые массивы, способы их организации. Понятия об ассоциативном поиске и условиях его реализации.

4.3. Интеллектуальные информационные системы. Взаимодействие «человек–компьютер»; поддержка и усиление интеллектуальной активности человека. Построение экспертных систем. Извлечение экспертных знаний. Прогнозирование свойств структурированных объектов в базах данных с неполной информацией в областях фармакологии, токсикологии, биохимии, медицинской диагностики, психологии и др.

4.5. Гипертекстовые системы.

4.6. Гипермедиа-системы. Представление зрительной и звуковой информации в цифровой форме.

4.7. Базы знаний. Классификационные системы: иерархические, фасетные, алфавитно-предметные классификации. Тезаурусные методы представления знаний. Основные информационные ресурсы и базы данных по молекулярной биологии. Банки биологических последовательностей (UCSC, Ensemble, GenBank, EMBL), поиск записей в банках данных по

аннотации (система UCSC Table Browser, Entrez или их аналог). Системы организации конвейерной работы с биологическими данными (Galaxy).

4.8. Сетевые и коммуникационные технологии. Глобальные, территориальные и локальные сети. Средства передачи данных; средства хранения и обработки данных.

4. Живые системы. Информационные биологические процессы

5.1. Биология – интегративная наука, изучающая живые организмы. Отличительные признаки живого. Самоорганизация биологических систем.

5.2. Уровни организации и уровни изучения живой материи: макромолекулы, клетки, органы, ткани, организмы, популяции, виды, биогеоценозы (экосистемы), биосфера. Систематика живых организмов. Биологическое разнообразие.

5.3. Химические компоненты и молекулярная организация живого. Свойства молекул воды. Малые органические молекулы живой клетки. Макромолекулы – углеводы, липиды, белки, нуклеиновые кислоты.

5.4. Нуклеотиды. Рибо- и дезоксирибонуклеотиды. Структура ДНК. Понятие о конформационных и физико-химических свойствах двойной спирали ДНК. Спаривание оснований. Стэкинг. Репарация ДНК.

5.5. Виды РНК (рибосомальная, тРНК, мРНК, микроРНК, некодирующие РНК). Первичная, вторичная, третичная и четвертичная структуры РНК. Рибозимы.

5.6. Аминокислоты, виды связей аминокислот. Вторичные структуры белков. Водородные связи. Backbone связи, образование вторичных структур. Виды вторичных структур: альфа-спирали и бета-слои. Нестандартные виды. Третичная структура белков.

5.7. Центральная догма молекулярной биологии.

5.8. Матричный принцип. Репликация ДНК. Мейоз и митоз.

5.9. Структура генов и геномов. Специфика геномов различных царств живых организмов. Экзон-интронная структура генов.

5.10. Транскрипция, ее регуляция. Типы регуляторных районов транскрипции. Транскрипционные факторы. Структура и функция промотора. Энхансер, сайленсеры и инсуляторы.

5.11. Посттранскрипционные процессы в РНК. Кэпирование РНК. Сплайсинг, альтернативный сплайсинг. Редактирование РНК. МикроРНК и их участие в деградировании РНК. Длинные некодирующие РНК.

5.12. Генетический код. Трансляция. Регуляция трансляции. Структура рибосомы. Роль тРНК. Рамка считывания. Сдвиг рамки считывания.

Программируемый сдвиг рамки считывания («рибосомальный фреймшифтинг»).

5.13. Структура хроматина. Хромосомы. Эпигенетическая регуляция. Модификации ДНК и гистоновых белков.

5.14. Репликация ДНК и хромосом. Мейоз и митоз.

5.15. Кинетика и термодинамика биологических процессов.

5.16. Вирусы – структуры, занимающие пограничное положение между живой и неживой материей. Строение. Жизненные циклы. Бактериофаги. Вироиды.

5.17. Бактерии (доядерные организмы), археи и эукариоты (истинноядерные); основные различия. Использование разных источников энергии.

5.18. Бактерии. Размножение. Условия существования. Основные группы.

5.19. Археи. Сходство с бактериями и эукариотами. Уникальные свойства. Использование различных источников энергии. Размножение.

5.20. Эукариотическая клетка; основные компоненты, компартментация в клетках высших организмов. Особенности структурно-функциональной организации растительных и животных клеток.

5.21. Биологическое узнавание. Межклеточные коммуникации. Хемотаксисы. Межклеточная адгезия. Межклеточные соединения (плотные соединения, щелевые контакты). Механизмы поддержания нормальной организации тканей. Регенерация.

5.22. Химическая клеточная сигнализация; аналоговый характер. Медиаторные вещества. Рецепторные белки плазматических мембран. Внутриклеточные рецепторы. Взаимодействие лиганд-рецептор; лекарственные и токсические влияния.

5.23. Электрическая клеточная сигнализация; дискретный характер. Биопотенциалы. Нейроны и синапсы.

5.24. Наследственность и изменчивость на разных уровнях организации живого (молекулярном, клеточном, организменном и популяционном). Мутагенез. Основы генной инженерии. Селекция микроорганизмов, растений, животных. Основы биотехнологии.

5.25. Индивидуальное развитие организмов. Дифференцировка и специализация клеток. Запрограммированная гибель клеток (апоптоз). Органогенез. Старение; соотношение роли генетических факторов и условий жизни.

5.26. Злокачественные новообразования как следствие нарушения молекулярно-генетических и клеточных регуляторных механизмов.

5.27. Функциональные системы растительных организмов. Регуляторные и адаптационные механизмы. Автотрофное питание. Фотосинтез, дыхание. Экскреция азотистых веществ, осморегуляция. Рост и развитие.

5.28. Гомеостатические системы животных организмов. Принципы регуляции внутренней среды, адаптации к изменениям внешних условий. Нейроэндокринная регуляторная система. Нейромедиаторы, гормоны. Иммунная система. Молекулярно-клеточные механизмы иммунитета; иммунное узнавание. Взаимодействие нейроэндокринной и иммунной систем. Эволюция систем физиологической регуляции.

5.30. Фундаментальные аспекты: изучение информационных процессов в нервной системе организмов разного филогенетического уровня. Нейробиологические основы теории распознавания образов и теории нейросетей (нейрокомпьютинг). Глубинное обучение.

5.28. Сенсорные системы организмов разных таксономических групп. Таксисы бактериальных, растительных и животных организмов. Переработка сенсорной информации на разных уровнях нервной системы. Восприятие ощущений. Аккомодация. Зрение. Слух. Вестибулярная система. Вкус и обоняние. Температурные (тепловые и холодовые) рецепторы. Механорецепторы кожи. Механорецепторы и хеморецепторы внутренних органов. Болевая чувствительность. Орган боковой линии рыб. Электрорецепторы рыб. Осфрадии моллюсков.

5.29. Биология поведения. Коммуникации организмов. Этология. Психофизиология. Физиология когнитивных процессов.

5.30. Сообщества организмов. Экологические системы. Популяции. Динамика численности сообществ; моделирование. Популяционные волны. Поведение живых организмов в системе конкурирующих видов, в системе "хищник-жертва".

5.31. Эволюция живой природы как процесс передачи, накопления, хранения информации. Теории видообразования. Теории возникновения жизни. Мир РНК.

5.32. Биосфера. Структура, эволюция, условия устойчивости. Биомониторинг и экологический прогноз. Методы анализа и моделирования экологических процессов. Экологические принципы природопользования и охраны природы.

5. Методы и подходы биоинформатики

6.1. Сходство биологических последовательностей, его биологический смысл. Методы выравнивания биологических последовательностей (белков,

ДНК, РНК); особенности алгоритмов выравнивания в зависимости от типа биологической последовательности.

6.2. Методы выравнивания: локальное и глобальное. Алгоритм глобального выравнивания Нидльмана-Вунша (Needleman-Wunsh). Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman). Сэмплирование по Гиббсу (Gibbs sampling). Алгоритмы Blast, Psi-Blast, FASTA; назначение и основные возможности. «Матрицы-с-точками» («Dot-matrix method»). Приписывание веса результату поиска по базе данных биологических последовательностей и его статистическая значимость (E-value). Общие слова между двумя случайными последовательностями – распределение максимальной длины общего слова. Применение классических и скрытых марковских моделей для выравнивания.

6.3. Алгоритмы множественного выравнивания (многомерное динамическое программирование, ClustalW, T-COFFEE, MUSCLE). Методы определения консервативных участков белковых последовательностей (блоков). Определение весов аминокислотных замен. Понятие относительно энтропии. Матрицы Дэйхоф (PAM-матрицы). Определение весов аминокислотных замен с помощью базы данных BLOCKS. Матрицы BLOSUM. Взвешивание последовательностей для более чувствительного построения множественных выравниваний, разные типы штрафов за делецию в выравнивании («штраф за гэп»), выбор матрицы замен.

6.4. Сравнение последовательностей без построения выравниваний (alignment-free methods). Области применения этих методов. Применение преобразования Фурье в анализе аминокислотных и нуклеотидных последовательностей.

6.5. Поиск сигналов в геноме: распознавание структурно-функциональных мотивов в генетических текстах. Понятие мотива и методы его представления (консенсус, весовая матрица (PWM), байесовская и марковская модели). EM (expectation maximization) алгоритм поиска мотива. Оценка точности распознавания. Методы распознавания промоторов, энхансеров и других регуляторных участков.

6.5. Поиск сигналов в геноме: поиск генов. Методы поиска белок-кодирующих генов (*ab initio* алгоритмы, поиск по базе данных известных генов/белков, использование данных RNA-seq). Применение классических и скрытых марковских моделей для поиска генов. Три-периодические марковские модели. Модели для белок-кодирующих и белок-некодирующих участков генома. Оценка параметров модели. Понятие открытой рамки считывания. Применение нейронных сетей для поиска кодирующих районов.

Предсказание прокариотических и эукариотических генов. Предсказание экзонно-интронной структуры.

6.6. Поиск сигналов в геноме: поиск повторов. Методы поиска повторов. Поиск дисперсных и тандемных повторов динамическим программированием. Определение структурных вариаций в геноме.

6.7. Функциональная аннотация биополимеров. Технология аннотирования последовательностей; основные подходы к автоматическому аннотированию последовательностей; достоверность аннотации по гомологии. Паралоги и ортологи.

6.8. Методы предсказания вторичной структуры РНК. Поиск минимальной свободной энергии структуры. Алгоритмы на основе динамического программирования. Предсказание псевдоузлов. Субоптимальные структуры. Предсказание вторичной структуры семейств РНК.

6.9. Структурная биология белка. Понятие первичной, вторичной и третичной структур. Связь структуры и функции белка. Понятие белкового домена. Базы данных Pfam и PROSITE. Понятие профиля множественного выравнивания. Визуализация в виде Sequence-LOGO. Понятие профиля скрытой марковской модели (СММ-профиль). Методы выравнивания профиля и последовательности (программа HMMER). Методы предсказания вторичных структур: статистические, машинное обучение, гомология. Построение третичной структуры de novo. Число возможных конформаций, парадокс Левинталя. Целевые функции при фолдинге. Методы построения: укладка решетки, фрагментарная сборка, метод Монте-Карло, статистические методы, гомологичный фолдинг. Структурное выравнивание. Понятие структурного выравнивания. Глобальное и локальное выравнивание. Метод сравнения двугранных углов. Метод сравнения матриц дистанций. RMSD, поиск минимизирующей трансформации. Алгоритм DALI. Алгоритм МАММОТН.

6.10. Моделирование белковых взаимодействий. Понятие докинга. Аффинность, характеристики белковых взаимодействий. Проблема смены конформаций во время докинга. Методы поиска взаимодействий: FFT, геометрическое хэширование. Энергетические функции, уточнение докинга. Докинг с лигандами.

6.11. Моделирование РНК-РНК, РНК-ДНК, РНК/ДНК-белковых взаимодействий. Триплексы. R-петли (R-loops). Алгоритмы поиска.

6.12. Системная биология. Генные сети. Классы функциональных структур и событий, значимых для функционирования генных сетей. База данных GeneNet: компьютерная технология реконструкции и описания

генных сетей на основе экспериментальных данных. Структурно-функциональная организация. Кассетная активация и репрессия генов. Положительные и отрицательные обратные связи – обязательные элементы генных сетей. Мотивы генных сетей. Генная сеть редокс-регуляции и интеграция генных сетей. Системная компьютерная биологии: прикладные и фундаментальные аспекты. Сложность генных сетей про- и эукариот. Влияние размера генома на сложность генных сетей. Жесткость, быстрота и точность против избыточной гибкости: плюсы и минусы оперонной структуры по сравнению с генами эукариотического типа. Стратегия выживания популяций и сложность генных сетей. Сложность организации как критерий прогресса.

6.13. Генные сети метаболизма. Представление в базах данных и принципы организации (KEGG, MetaCyc, EcoCyc, TRANSPATH). База по генным сетям GeneNet. Принципы организации генных сетей метаболизма прокариот: согласованная регуляция экспрессии генов одного метаболического пути за счет принадлежности одному оперону. Типы регуляторных белков и типы оперонов (с примерами регуляторных ситуаций для лактозного оперона *E.coli*).

6.14. Геномика. Методы секвенирования ДНК/РНК. Экспериментальные вариации (секвенирование одной клетки (single-cell; анализ метагеномы). Ошибки секвенирования (вставки, делеции, замены). FastQC.

6.15. Экспериментальные методы, основанные на секвенировании нового поколения: RNA-seq. Основные этапы экспериментального метода. Этапы биоинформатического анализа: выравнивание с разрывами, аннотация транскриптов, оценка уровня экспрессии генов, определение дифференциально экспрессируемых генов. Проблемы анализа и интерпретации результатов. Некодирующие РНК.

6.16. Экспериментальные методы, основанные на секвенировании нового поколения: ChIP-seq. Основные этапы экспериментального метода. Этапы биоинформатического анализа: выравнивание фрагментов, поиск пиков. Специфика поиска пиков для факторов транскрипции и модификаций гистоновых белков. Биологическая интерпретация результатов.

6.17. Экспериментальные методы для определения доступности хроматина, основанные на секвенировании нового поколения: Dnase-seq, ATAC-seq. Основные этапы экспериментального метода. Этапы биоинформатического анализа: выравнивание фрагментов, поиск пиков. Отличия от анализа данных ChIP-seq.

6.18. Оценка уровня метилирования ДНК. Экспериментальные методы, основанные на секвенировании нового поколения: полногеномное и

сокращенное бисульфитное секвенирование (WGBS и RRBS). Микроматрицы. Основные этапы эксперимента. Биоинформатическая обработка результатов бисульфитного секвенирования: выравнивание, определение степени метилирования отдельных позиций, поиск дифференциально-метилованных регионов. Биоинформатическая обработка результатов полученных на макроматрицах. Биологическая интерпретация результатов.

6.19. Методы сборки геномов (genome assembly). Сборка де ново и с опорой на референсный геном. Метод дробовика (shortgun) и алгоритм, основанный на перекрытии (overlap-layout-consensus). Методы, основанные на графах (граф де Брёйна). Проблема повторяющихся элементов и пloidности. Популярные сборщики.

6.20. Построение филогенетических деревьев. Типы филогенетических деревьев: укорененное и неукорененное. Молекулярная филогения. Построение дерева попарным расстоянием. Принцип наибольшей экономии (maximum parsimony). Вероятностные модели в филогении. Критерий наибольшего правдоподобия (maximum likelihood). Гипотеза молекулярных часов. Модели Кимуры и Jukes-Cantor. Алгоритмы UPGMA и Neighbors Joining. Генетический дрейф. Синонимичные и несинонимичные замены. Мера Kp/Ks .

6.21. Популяционная и медицинская генетика. Закон Харди-Вайнберга. Равновесие Харди-Ванберга в реальных популяциях, его роль для медицинской генетики. Генетическое разнообразие. Эффект основателя.

6.22. Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS).

6.23. Подходы к анализу данных метагеномного секвенирования.

II. ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ПРОГРАММА

1. Обоснование соответствия направления научного исследования избранному разделу паспорта научной специальности.

2. Обоснование актуальности диссертационного исследования и научно-практической значимости проблемы, решаемой в диссертационном исследовании.

3. Научно-теоретические взгляды российских и зарубежных ученых, известных в избранной предметной области.

4. Информационно-статистические источники расчетов и выводов диссертационного исследования и методы их обработки.

5. Характеристика степени изученности разрабатываемой проблемы с приведением основных результатов предшествующих исследований.

6. Приемы и методы исследования, используемые в работе над диссертационным исследованием.

7. Рабочая гипотеза, цель, задачи и научная новизна диссертационного исследования, их взаимосвязь друг с другом.

8. Значимость полученных в процессе проведения научного исследования результатов для дальнейшего развития научного направления.

9. Практическая значимость и возможность применения в практической деятельности экономических субъектов результатов диссертационного исследования.

10. Результаты доведения результатов исследования до широкой научной общественности в публикациях и выступлениях на конференциях.

11. Апробация результатов диссертационного исследования и личный вклад исследователя в полученные результаты.

12. Постановка задач исследования и результаты их решения в главах диссертационной работы.

13. Логика структуры диссертации и ее соответствие цели и задачам диссертационного исследования.

14. Конкретизация обобщенного решения научной задачи на примере предприятия, группы предприятий, отрасли.

15. Количественная и качественная оценка результатов диссертационного исследования и его сравнение с известными решениями.

Основная литература

1. Козлов Н.Н. Математический анализ генетического кода — М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2017. — 215 с. : ил., [8] с. цв. вкл. — (Математическое моделирование).
2. Кребс Дж., Голдштейн Э., Килпатрик С. Гены по Льюину; пер. 10-го англ. изд. — М. : Лаборатория знаний, 2017. — 919 с. : цв. ил.
3. Альбертс Б., Брей Д., Хопкин К. и др. Основы молекулярной биологии клетки; пер. с англ. — 2-е изд., испр. — М. : Лаборатория знаний, 2018. — 768 с. : ил.
4. Кассимерис Л. [и др.] Клетки по Льюину; пер. 2-го англ. изд. — М. : Лаборатория знаний, 2016. — 1056 с. : цв. ил.
5. Фрешни Р.Я. Культура животных клеток : практическое руководство; пер. 5-го англ. изд. — М. : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2017. — 691 с. : ил., [24] с. цв. вкл.

Дополнительная литература

1. Джералд М. Великая биология. От происхождения жизни до эпигенетики. 250 основных вех в истории биологии; пер. с англ. А. А. Синюшина.—М. : Лаборатория знаний, 2018.—540 с. : ил.
2. Тейлор Д., Грин Н., Стаут У. / Биология: в 3-х томах (комплект) Т. 1; под ред. Р. Сопера ; пер. 3-го англ. изд. — 9-е изд. — М. : Лаборатория знаний, 2018. — 454 с. : ил.
3. Тейлор Д., Грин Н., Стаут У. / Биология: в 3-х томах (комплект) Т. 2; под ред. Р. Сопера ; пер. 3-го англ. изд. — 9-е изд. — М. : Лаборатория знаний, 2018. — 454 с. : ил.
4. Тейлор Д., Грин Н., Стаут У. / Биология: в 3-х томах (комплект) Т. 3; под ред. Р. Сопера ; пер. 3-го англ. изд. — 9-е изд. — М. : Лаборатория знаний, 2018. — 454 с. : ил.
5. Разин С.В., Быстрицкий А.А. Хроматин: упакованный геном — 3-е изд. — М. : БИНОМ.
6. Лаборатория знаний, 2017. — 172 с. : ил., [16] с. цв. вкл."
7. Шмид Р. Наглядная биотехнология и генетическая инженерия; пер. с нем. — М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2017. — 325 с.: ил.
8. Овчаров А.О., Овчарова Т.Н. Методология научного исследования: Учебник. - М.: ИНФРА-М, 2014
9. Новиков А.М., Новиков Д.А. Методология научного исследования. - М.: ЛИБРОКОМ, 2015

Руководитель профиля
1.5.8. Математическая биология,
биоинформатика
к.б.н.



Ю.А. Медведева