

Курс МАТЕМАТИЧЕСКОЙ БИОЛОГИИ И ОПТИМИЗАЦИИ НА ГРАФАХ

(1-й семестр, проф. В.А. Любецкий).

Особенность курса – сочетание современных экспериментальных феноменов молекулярной биологии с математикой, описывающей эти феномены. Причём эта математика обращается к открытым математическим проблемам и одновременно к программистским трудностям суперкомпьютерных вычислений. Эти проблемы не предполагают биологических знаний.

1-й СЕМЕСТР

1-ая лекция: начало Молекулярной биологии клетки.

2-ая лекция: аттенуаторная регуляция у бактерий и многокомпонентная динамическая система.

3-ая лекция: начало Теории эволюции.

4-ая лекция: эволюция регуляторного сигнала с вторичной структурой и минимизация сложного функционала (в частности, аннилинг).

5-ая лекция: взаимодействия РНК-полимераз, промоторов, различных терминаторов и многокомпонентная динамическая система другого типа.

6-ая лекция: продолжение 5-ой лекции и на её основе связь с геномно обусловленными болезнями человека.

7-ая лекция: влияние внешних условий среды обитания организма на структуру его генома и статистически достоверная аппроксимация данных.

8-ая лекция: эволюция геномов (видов), описываемых их геномными структурами, и точный линейный алгоритм оптимизации на графах (на словах).

9-ая лекция: снижение регенеративной потенции и развитие мозга у позвоночных. Поиск генов, характерных для высокой видовой продолжительности жизни. Оба явления – на основе эффективной реализации алгоритма очень высокой трудоёмкости.

10-ая лекция: немного математики – описание точного линейного по времени и памяти алгоритма кратчайшего преобразования циклических графов (слов) друг в друга и доказательство его точности (как модель эволюции или других сцен, состоящих из компактных и протяжённых объектов).

Можно почитать к каждой лекции:

1-2-ая: Общая биология, школьные 10-11 классы, под редакцией Беляева, Дымшица, 3-е издание (2003);

Общая биология, школьные 10-11 классы, под ред. Шумного, Дымшица, Рувинского, 4-е издание (2004);

Сингер, Берг Гены и геномы, учебник для биологов, тома I-II (главы 1-3);

Ней, Кумар Молекулярная эволюция и филогеномика, Киев, 2004.

3-4-ая: 1. Lyubetsky V., Pirogov S., Rubanov L., Seliverstov A. Modeling classic attenuation regulation of gene expression in bacteria, 2007, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, vol 5, no 1, p. 155-180.

2. Asarin E., Cachat Th., Seliverstov A., Touili T., Lyubetsky V. Attenuation regulation as a term rewriting system, 2007, *Algebraic Biology, Lecture Notes in Computer Science 4545*, Springer-Verlag, p. 81-94. [Second International Conference, AB 2007, Castle of Hagenberg, Austria, July 2-4, 2007. Proceedings Hirokazu Anai, Katsuhisa Horimoto and Temur Kutsia (editors)]

3. Rubanov L.I., Lyubetsky V.A. "RNAmodel Web Server: Modeling Classic Attenuation in Bacteria" In *Silico Biology*, 2007, V. 7, No. 3, p. 285-308 (<http://www.bioinfo.de/isb/2007/07/0044/>)

3-ой: 1. L.I. Rubanov, A.G. Zaraisky, G.A. Shilovsky, A.V. Seliverstov, O.A. Zverkov, V.A. Lyubetsky. Screening for mouse genes lost in mammals with long lifespans. *BioData Mining*, Nov 9 2019, Vol. 12, Art. 20.

① DOI: [10.1186/s13040-019-0208-x](https://doi.org/10.1186/s13040-019-0208-x), WOS: [000495611800001](https://www.wos.org/wos/000495611800001), Scopus: [2-s2.0-85074905309](https://scopus.com/record/display?id=s2.0-85074905309), PMID: [31728160](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31728160/), PMC6842137, eLIBRARY: [41702928](https://elibrary.ru/41702928), ISTINA: [250298357](https://istina.ru/250298357), IITP: [8012](https://itp.ras.ru/8012). \$ RFBR 18-29-13037.

2. В.А. Любецкий, Е.А. Жижина, Л.И. Рубанов. Гиббсовский подход в задаче эволюции регуляторного сигнала экспрессии гена. *Проблемы передачи информации*, 2008, том 43, вып. 4, стр. 52–71, eLIBRARY: 11755654, Mi: ppi1289,

Перевод: V.A. Lyubetsky, E.A. Zhizhina, L.I. Rubanov. Gibbs field approach for evolutionary analysis of regulatory signal of gene expression. *Problems of Information Transmission*, Dec 2008, Vol. 44, No. 4, P. 333–351, DOI: [10.1134/S0032946008040066](https://doi.org/10.1134/S0032946008040066), WOS: [000262811900006](https://www.wos.org/wos/000262811900006), Scopus: [2-s2.0-59349118725](https://scopus.com/record/display?id=s2.0-59349118725), eLIBRARY: 13595723,

5-6-ая: Lyubetsky V.A. et al. Modeling RNA polymerase competition: the effect of σ -subunit knockout and heat shock on gene transcription level, *Biology Direct*, 2011, 6:3, <http://www.biology-direct.com/content/6/1/3>

7-8-ая: Lyubetsky et al. Optimal growth temperature and intergenic distances in bacteria, archaea, and plastids of rhodophytic branch. *BioMed Research International*, 2020, Art. 3465380.

K.Yu. Gorbunov, V.A. Lyubetsky. Linear time additively exact algorithm for transformation of chain-cycle graphs for arbitrary costs of deletions and insertions. *Mathematics*, Nov 10 2020, Vol. 8, No. 11, Art. 2001.

V.A. Lyubetsky, R.A. Gershgorin, K.Yu. Gorbunov. Chromosome structures: reduction of certain problems with unequal gene content and gene paralogs to integer linear programming. *BMC Bioinformatics*, Dec 6 2017, Vol. 18, Art. 537, 18 pp.

9-ая: Korotkova D.D., Lyubetsky V.A., Ivanova A.S., Rubanov L.I., Seliverstov A.V., Zverkov O.A., Martynova N.Yu., Nesterenko A.M., Tereshina M.B., Peshkin L., Zaraisky A.G. Bioinformatics screening of genes specific for well-regenerating vertebrates reveals c-answer, a

regulator of brain development and regeneration // Cell Reports, 2019, V. 29, № 4, P. 1027–1040.e6. DOI: 10.1016/j.celrep.2019.09.038 [IF 8.1, WoS-Q1].

Rubanov L.I., Zraisky A.G., Shilovsky G.A., Seliverstov A.V., Zverkov O.A., Lyubetsky V.A. Screening for mouse genes lost in mammals with long lifespans // BioData Mining, 2019, V. 12, ID 20. DOI: 10.1186/s13040-019-0208-x (IF2.7, WoS-Q1).

10-ая: Горбунов К.Ю., Любецкий В.А. Почти точный линейный алгоритм преобразования графов из цепей и циклов, с оптимизацией суммы цен операций // Доклады Академии наук, 2020, том 494, № 6, стр. 26–29.

K.Yu. Gorbunov, V.A. Lyubetsky. Linear time additively exact algorithm for transformation of chain-cycle graphs for arbitrary costs of deletions and insertions. Mathematics, Nov 10 2020, Vol. 8, No. 11, Art. 2001, 30 pp

K.Yu. Gorbunov, V.A. Lyubetsky. Multiplicatively exact algorithms for transformation and reconstruction of directed path-cycle graphs with repeated edges. Mathematics, Oct 14 2021,

Vol. 9, No. 20, Art. 2576. DOI: 10.3390/math9202576, ISTINA: 402488632, IITP: 8274.

K.Yu. Gorbunov, V.A. Lyubetsky. An almost exact linear complexity algorithm of the shortest transformation of chain-cycle graphs. Eprint, arXiv:2004.14351, Apr 29 2020.

K.Yu. Gorbunov, V.A. Lyubetsky (2017). Linear algorithm of the minimal reconstruction of structures. Probl of Inform Transmission 53(1):55–72